

PCT/JP 03/15310 #2

日 本 国 特 許 庁
JAPAN PATENT OFFICE

01.12.03

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日
Date of Application: 2002年12月 3日

出 願 番 号
Application Number: 特願2002-351701
[ST. 10/C]: [JP2002-351701]

RECEIVED	
22 JAN 2004	
WIPO	PCT

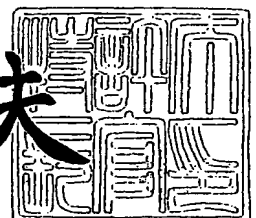
出 願 人
Applicant(s): 財団法人名古屋産業科学研究所

PRIORITY DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH
RULE 17.1(a) OR (b)

2004年 1月 8日

特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

今 井 康 夫



BEST AVAILABLE COPY

出証番号 出証特2003-3109480

【書類名】 特許願

【整理番号】 P02064

【あて先】 特許庁長官 殿

【国際特許分類】 C12N 15/09

【発明者】

【住所又は居所】 愛知県名古屋市千種区若水 2-2-21 若水住宅 4-23

【氏名】 吉岡 博文

【特許出願人】

【識別番号】 598091860

【氏名又は名称】 財団法人名古屋産業科学研究所

【代理人】

【識別番号】 100095577

【弁理士】

【氏名又は名称】 小西 富雅

【選任した代理人】

【識別番号】 100100424

【弁理士】

【氏名又は名称】 中村 知公

【選任した代理人】

【識別番号】 100114362

【弁理士】

【氏名又は名称】 萩野 幹治

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 045908

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

BEST AVAILABLE COPY

出証特 2003-3109480

【物件名】 要約書 1

【包括委任状番号】 0200890

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 病原菌応答性プロモータ

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 以下の(a)～(c)のいずれかのDNAを含む病原菌応答性プロモータ、

(a)：配列番号 1 で示される塩基配列からなるDNA、

(b)：配列番号 1 で示される塩基配列において 1 若しくは複数の塩基が置換、欠失、挿入、又は付加された塩基配列からなり、植物細胞内で病原菌応答性プロモータとして機能するDNA、

(c)：(a)又は(b)のDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、植物細胞内で病原菌応答性プロモータとして機能するDNA。

【請求項 2】 以下の(A)～(C)のいずれかのDNAを含む病原菌応答性プロモータ、

(A)：配列番号 2 で示される塩基配列からなるDNA、

(B)：配列番号 2 で示される塩基配列において 1 若しくは複数の塩基が置換、欠失、挿入、又は付加された塩基配列からなり、植物細胞内で病原菌応答性プロモータとして機能するDNA、

(C)：(A)又は(B)のDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、植物細胞内で病原菌応答性プロモータとして機能するDNA。

【請求項 3】 以下の(1)～(3)のいずれかのDNAを含む病原菌応答性プロモータ、

(1)：配列番号 1 で示される塩基配列内の連続した一部分からなり、植物細胞内で病原菌応答性プロモータとして機能するDNA、

(2)：(1)のDNAにおいて 1 若しくは複数の塩基が置換、欠失、挿入、又は付加された塩基配列からなり、植物細胞内で病原菌応答性プロモータとして機能するDNA、

(3)：(1)又は(2)のDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、植物細胞内で病原菌応答性プロモータとして機能するDNA。

【請求項 4】 疫病菌の感染に対して特異的に応答する、ことを特徴とする

請求項 1～3 のいずれかに記載の病原菌応答性プロモータ。

【請求項 5】 請求項 1～4 のいずれかに記載のプロモータを含むベクター。

【請求項 6】 請求項 1～4 のいずれかに記載のプロモータと、及び該プロモータの制御下に連結される遺伝子であって、植物内で発現して該植物の防御応答を活性化する遺伝子と、を含む DNA コンストラクト。

【請求項 7】 前記遺伝子はその発現産物が植物の防御応答を制御する情報伝達経路を活性化する機能を有する、請求項 6 に記載の DNA コンストラクト。

【請求項 8】 前記遺伝子はその発現産物が SIPK 又は WIPK を活性化する機能を有する、請求項 6 に記載の DNA コンストラクト。

【請求項 9】 前記遺伝子は、恒常的活性型 MEK をコードする遺伝子である、請求項 6 に記載の DNA コンストラクト。

【請求項 10】 請求項 6～9 のいずれかの DNA コンストラクトで宿主植物を形質転換して得られた形質転換体。

【請求項 11】 前記宿主植物がナス科に属する植物である、請求項 10 に記載の形質転換体。

【請求項 12】 前記宿主植物がジャガイモ属に属する植物である、請求項 10 に記載の形質転換体。

【請求項 13】 以下のステップを含む、形質転換植物の作出方法、
請求項 6～9 のいずれかの DNA コンストラクトで宿主植物を形質転換するステップ。

【請求項 14】 以下のステップを含む、宿主植物に病原菌耐性を付与する方法、

請求項 6～9 のいずれかの DNA コンストラクトで宿主植物を形質転換するステップ。

【請求項 15】 請求項 1～4 のいずれかに記載のプロモータが外来的に導入されている植物。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【産業上の利用分野】

本発明は病原菌に対する応答性を有するプロモータ及びそれを利用した病原菌耐性植物に関する。

【0002】**【従来の技術】**

ジャガイモ疫病菌 (*Phytophthora infestans*) とジャガイモ植物との間においては、明確なレースー品種間の特異的寄生関係が存在する。このような特異的な宿主ー病原菌相互関係は、菌の保有する非病原性遺伝子と、宿主の持つ真性抵抗性遺伝子の組み合わせによって決定する場合が多い。非親和性レースが感染を試みる場合、宿主において動的抵抗反応が誘導される。すなわち、活性酸素生産、過敏感細胞死、ファイトアレキシン (ジャガイモにおいてはリシチン) の生成、PR (Pathogenesis-Related) タンパク質の発現、パピラ形成、リグニン化などの過敏感反応を伴う抵抗反応が感染組織において発現し、菌の進展が停止する (非特許文献15、32、44、45、及び47を参照)。一方、親和性レースが感染する場合、これらの抵抗反応が誘導されず、菌の侵入は進展し、ジャガイモ植物の致命的な全身的感染症であるジャガイモ疫病が引き起こされる。

【0003】

これら動的抵抗反応の中で、最も重要で局所的な抵抗反応の一つがファイトアレキシンの蓄積であると考えられている。ファイトアレキシンは病原菌の感染時に蓄積誘導され、抗菌作用をもつ低分子の物質であり、感染成否の決定において、重要な役割を果たすことが示されてきた (非特許文献12、13、21、28、及び46を参照)。ジャガイモにおけるファイトアレキシンはセスキテルペン化合物であり、イソプレノイド代謝系で合成される (図1)。

ジャガイモにおいて、エリシター処理や非親和性レースを接種することで、ステロール・グリコアルカロイド合成からセスキテルペノイドファイトアレキシン合成へとイソプレノイド合成が急激に転換することが知られている。この現象は、イソプレノイド合成系の律速段階に関わるステロール・グリコアルカロイド合成経路とイソプレノイドファイトアレキシン合成経路の分岐点にそれぞれ関わるスクアレンシンターゼおよびセスキテルペンシクラーゼの協調的な制御によるも

のであると考えられている(非特許文献8を参照)。ジャガイモのセスキテルペンシクラーゼはベティスピラディンシンターゼであり、ポテトベティスピラディンシンターゼ(PVS)と命名された(非特許文献53を参照)。ジャガイモ塊茎組織のPVS活性は、菌接種およびジャガイモ疫病菌菌体壁由来のエリシターであるHWC処理により著しく増加することが報告されている(非特許文献54を参照)。また、タバコ植物においてもエリシター処理により、セスキテルペノイド合成経路が活性化し、ファイトアレキシンの一種であるカプシジオールが合成されることが知られている(非特許文献42及び48を参照)。最近になって、これらの現象が遺伝子発現レベルで明らかとなってきた。ジャガイモにおけるPVSとスクアレシンターゼのcDNAを単離し、これらのクローンをプローブとして、ジャガイモ塊茎より抽出したRNAを用いてノーザン解析したところ、親和性および非親和性レース接種区においてPVS mRNAの一過的な蓄積誘導が認められた。その一方で、スクアレシンターゼは傷害によってmRNAの蓄積が誘導されるものの、親和性および非親和性レースを接種すると蓄積抑制が観察されることが示されている(非特許文献53を参照)。しかしながら、この報告は、非親和性レースの接種においてのみファイトアレキシシンが生合成され、菌の進展が停止することと矛盾する(非特許文献40を参照)。

【0004】

植物の遺伝子の多くは多重遺伝子族を形成しており、各アイソジーンが器官特異性や刺激に応答した代謝変動に対して異なった役割を果たすことが一般的に知られている。ジャガイモ植物におけるPVS遺伝子は多重遺伝子族を形成しており、PVS1~4のメンバーが存在することが報告されている(非特許文献53を参照)。しかしながら、これらの各メンバーの発現動向についての詳細は未詳である。

【0005】

【非特許文献1】

Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W. and Lipman, D. J. (1990) Basic local alignment search tool. J. Mol. Biol. 215, 403-410.

【非特許文献2】

Arumuganathan, K. and Earle, E. D. (1991) Nuclear DNA content of some

important plant species. Plant Mol. Biol. Reporter 9, 208-218.

【非特許文献 3】

Back, K. and Chappel, J. (1995) Cloning and bacterial expression of a sesquiterpene cyclase from *Hyoscyamus muticus* and its molecular comparison to related terpene cyclases. J.Biol.Chem. 270, 7375-7381.

【非特許文献 4】

Back, K. and Chappel, J. (1996) Identifying functional domains within terpene cyclase using domain-swapping strategy. Proc.Natl.Acad.Sci.USA 93, 6841-6845.

【非特許文献 5】

Back, K. and Chappel, J. (1998) Cloning and bacterial expression of a sesquiterpene cyclase, a key branch point enzyme for the synthesis of sesquiterpenoid phytoalexin capsidiol in UV-changed leaves of *Capsium annuum*. Plant Cell Physiol. 39, 899-904.

【非特許文献 6】

Bradford, M. M. (1976) A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. Anal. Biochem. 72, 248-254.

【非特許文献 7】

Chang, J. H., Tai, Y.-S., Bernal, A. J., Lavelle, D. T., Staskawicz, B. J. and Michelmore, R. W. (2002) Functional analyses of the Pto resistance gene family in tomato and the identification of a minor resistance determinant in a susceptible haplotype. Mol. Plant-Microbe Interact. 15, 281-291.

【非特許文献 8】

Chappell, J. (1995) The biochemistry and molecular biology of isoprenoid metabolism. Plant Physiol. 107, 1-6.

【非特許文献 9】

Choi, D., Ward, B. L. and Bostock, R. M. (1992) Differential induction

and suppression of potato 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A reductase genes in elicitor arachidonic acid. Plant Cell 4, 1333-1344.

【非特許文献 1 0】

Chomczynski, P. and Sacchi, N. (1987) Single-step method of RNA isolation by acid guanidium thiocyanate-phenol-chloroform extraction. Anal. Biochem. 162, 156-159.

【非特許文献 1 1】

Cruickshank, I. A. M. and Perrin, D. R. (1960) The isolation and partial characterization of monilicolin A, a polypeptide with phaseollin-inducing activity from *Monilinia fructicola*. Life Sci. 7, 449-458.

【非特許文献 1 2】

Darvill, A. G. and Albersheim, P. (1984) Phytoalexins and their elicitors: a defense against microbial infection in plants. Annu. Rev. Plant Physiol. 35, 243-275.

【非特許文献 1 3】

Dixon, R. A. and Harrison, M. J. (1990) Activation, structure and organization of genes involved in microbial defence in plants. Adv. Genet. 28, 165-234.

【非特許文献 1 4】

Doke, N. and Tomiyama, K. (1980) Effect of hyphal wall components from *Phytophthora infestans* on protoplasts of potato tuber tissue. Physiol. Plant Pathol. 16, 169-176.

【非特許文献 1 5】

Doke, N. (1983) Involvement of superoxide anion generation in the hypersensitive response of potato tuber tissues to infection with an incompatible race of *Phytophthora infestans* and to the hyphal wall components. Physiol. Plant Pathol. 23, 345-357.

【非特許文献 1 6】

Facchini, P. J. and Chappel, J. (1992) Gene family for an elicitor-inducible

ed sesquiterpene cyclase in tobacco. Proc.Natl.Acad.Sci.USA 89, 11088-11092.

【非特許文献 17】

Feinberg, A. P. and Vogelstein, B. (1983) A technique for radiolabelling DNA reaction endonuclease fragments to high specific activity. Anal. Biochem. 136, 6-13.

【非特許文献 18】

Hashimoto, T., Yamada, T., Tada, A., Kawamata, S., Tanaka, Y., Sriprasertsak, P., Ichinose, Y., Kato, H., Izutsu, S., Shiraishi, T., Oku, H. and Ohtsuki, Y. (1992) Transient expression of a phenylalanine ammonia-lyase promoter. Plant Cell Reports, 11, 183-187.

【非特許文献 19】

Jefferson, R. A. (1987) Assaying chimeric genes in plants: The GUS gene fusion system. Plant Mol. Biol. Rep. 5, 387-405.

【非特許文献 20】

Katou, S., Senda, K., Yoshioka, H., Doke, N. and Kawakita, K. (1999) A 51 kDa protein kinase of potato activated with hyphal wall components from *Phytophthora infestans*. Plant Cell Physiol. 40, 825-831.

【非特許文献 21】

Kuc, J. and Rush, R. J. (1985) Phytoalexins. Arch. Biochem. Biophys. 236, 455-472.

【非特許文献 22】

Laemmli, U. K. (1970) Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4. Nature 227, 680-685.

【非特許文献 23】

Leader, P., Tiemerier, D. and Enguist, L. (1977) EK2 derivatives of bacteriophage lambda useful in the cloning of DNA from higher organisms. Science 196, 175-177.

【非特許文献 24】

Maniatis, T., Fritsch, E. F. and Sambrook, J. (1982) Molecular Cloning: A Laboratory Manual. (Cold Spring Harbor, NY: Cold Spring Laboratory)

【非特許文献 2 5】

McNeil, J. B. (1988) Functional Characterization of a Pyrimidine-Rich Element in the 5' -Noncoding Region of the Yeast Iso-1-Cytochrome c Gene. Mol. Cell. Biol. 8, 1045-1054.

【非特許文献 2 6】

Metlitsky, L. V., Ozeretskoykaya, O. L., Vasyukova, N. J., Davydova, M. A., Dorozhkin, N. A., Remneva, Z. J. and Ivanyuk, V. G. (1970) Potato resistance to *Phytophthora infestans* as related to leaf phytoalexin activity. Prikl. Biokhim. Mikrobiol. 5, 568-573.

【非特許文献 2 7】

宮田 隆 (1984) DNAの進化, =ダイナミックに進化する真核生物遺伝子=, 分子進化学入門, 木村資生編, 培風館, 東京, pp. 56-90.

【非特許文献 2 8】

Moesta, P. and Grisebach, H. (1982) L-0-Aminooxy-3-phenylpropionic acid inhibits phytoalexin accumulation in soybean with concomitant loss of resistance against *Phytophthora megasperma* f. sp. *glycinea*. Physiol. Plant Pathol. 21, 65-70.

【非特許文献 2 9】

Murai, A., Sato, S., Osada, A., Katsui, N. and Masamune, T. (1982) Biosynthesis from solavetivone of the phytoalexin risitin in potato. J. Chem. Soc. Chem. Commun., 32

【非特許文献 3 0】

Murray, M. G. and Thompson, W. F. (1980) Rapid isolation of high-molecular-weight plant DNA. Nucleic Acids. Res. 8, 4321-4325

【非特許文献 3 1】

Narita, J. O. and Gruissem, W. (1989) Tomato hydroxy-methylglutaryl-CoA reductase is required early in fruit development but not during ripening

ng. Plant Cell 1, 181-190.

【非特許文献 3 2】

Oba, K., Kondo, K., Doke, N. and Uritani, I. (1985) Induction of 3-hydroxy-3-methylglutaryl CoA reductase in potato tubers after slicing, fungal infection or chemical treatment, and some properties of the enzyme. Plant Cell Physiol. 26, 873-880.

【非特許文献 3 3】

Ren, D., Yang, H. and Zhang, S. (2002) Cell death mediated by MAPK is associated with hydrogen peroxide production in Arabidopsis. J. Biol. Chem. 277, 559-565.

【非特許文献 3 4】

Rohwer, F., Fritzemeier, K. H., Scheel, D., and Hahlbrock, K. (1987) Biochemical reactions of different tissues of potato (*Solanum tuberosum*) to zoospores or elicitors from *Phytophthora infestans*. Planta 170, 556-561.

【非特許文献 3 5】

Romeis, T., Piedras, P., Zhang, S., Klessig, D. F., Hirt, H. and Jones, J. D. G. (1999) Rapid Avr9- and Cf-9-dependent activation of MAP kinases in tobacco cell cultures and leaves: convergence of resistance gene, elicitor, wound, and salicylate responses. Plant Cell 11, 237-287.

【非特許文献 3 6】

Reed, K. C. and Mann, D. A. (1985) Rapid transfer of DNA from agarose gel to nylon membranes. Nucleic Acids Res. 13, 7207-7221.

【非特許文献 3 7】

Sambrook, J., Fritsch, E. F. and Maniatis, T. (1989) Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2nd ed. Cold Spring Harbor, NY: Cold Spring Harbor Laboratory.

【非特許文献 3 8】

Sanger, F., Nicklen, S. and Coulson, A. R. (1977) DNA sequencing chain

-terminating inhibitors. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74, 5463-5467.

【非特許文献 3 9】

Starks, C. M., Back, K., Chappel, J. and Noel, J. P. (1997) Structure basis for cyclic terpene biosynthesis by tobacco 5-*epi* aristolochene synthase. Science 277, 1815-1820.

【非特許文献 4 0】

Stermer, B. A. and Bostock, R. M. (1987) Involvement of 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A reductase in regulation of sesquiterpenoid phytoalexin synthesis in potato. Plant Physiol. 84, 404-408.

【非特許文献 4 1】

Thomas, C. M., Tang, S., Hammond-Kosack, K. E. and Jones, J. D. G. (2000) Comparison of the hypersensitive response induced by the tomato Cf-4 and Cf-9 genes in *Nicotiana* spp. Mol. Plant-Microbe Interact. 13, 465-469.

【非特許文献 4 2】

Threfall, D. R. and Whitehead, I. M. (1988) Co-ordinated inhibition of squalene synthetase and induction of enzymes of sesquiterpenoid phytoalexin biosynthesis in cultures of *Nicotiana tabacum*. Phytochemistry 27, 2567-2580.

【非特許文献 4 3】

Thompson, J. D., Higgins, D. G. and Gibson, T. J. (1994) CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, positions-specific gap penalties and weight matrix choice. Nucleic Acids Res. 22, 4673-4680.

【非特許文献 4 4】

Tomiyama, K. (1968) Further observation on the time requirement for hypersensitive cell death of potatoes infected by *Phytophthora infestans* and its reaction to metabolic activity. Phytopathology 58, 367-378.

【非特許文献 4 5】

Vance, C. P. and Sherwood, R. T. (1977) Lignified papilla formation as a mechanism for protection in reed canarygrass. *Physiol. Plant Pathol.* 10, 247-256.

【非特許文献 46】

VanEtten, H. D., Matthews, D. E. and Matthews, P. S. (1989) Phytoalexin detoxification: Importance for pathogenicity and practical implications. *Annu. Rev. Phytopathol.* 27, 143-164

【非特許文献 47】

Van Loon, L. C. and Van Kammen, A. (1970) Polyacrylamide disc electrophoresis of the soluble leaf proteins from *Nicotiana tabacum* var. 'Samsun' and 'Samsun NN'. *Virology* 40, 199-211.

【非特許文献 48】

Vogeli, U. and Chappel, J. (1988) Induction of sesquiterpene cyclase and suppression of squalene synthase activities in plant cell cultures treated with fungal elicitor. *Plant Physiol.* 88, 1291-1296.

【非特許文献 49】

Wilson, U. E. and Coffey, M. D. (1980) Cytological evaluation of general resistance to *Phytophthora infestans* in potato foliage. *Ann. Bot.* 45, 81-90.

【非特許文献 50】

Yang, K. -Y., Liu, Y. and Zhang, S. (2001) Activation of a mitogen-activated protein kinase pathway is involved in disease resistance in tobacco. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 98, 741-746.

【非特許文献 51】

Yin, S., Mei, L., Newman, J., Back, K., and Chappell, J. (1997) Regulation of sesquiterpene cyclase gene expression: characterization of an elicitor- and pathogen-inducible promoter. *Plant Physiol.* 115, 437-451.

【非特許文献 52】

Yoshioka, H., Miyabe, M., Hayakawa, Y. and Doke, N. (1996) Expression

of genes for phenylalanine ammonia-lyase and 3-hydroxy-3-methylglutaryl CoA reductase in aged potato tubers infected with *Phytophthora infestans*. *Plant Cell Physiol.* 37, 81-90.

【非特許文献 5 3】

Yoshioka, H., Yamada, N. and Doke, N. (1999) cDNA cloning of sesquiterpene cyclase and squalene synthase, and expression of the genes in potato tuber infected with *Phytophthora infestans*. *Plant Cell Physiol.* 40, 993-998.

【非特許文献 5 4】

Zook, M. N. and Kuc, J. A. (1991) Induction of sesquiterpene cyclase and suppression of squalene synthetase activity in elicitor treated or fungal infected potato tuber tissue. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 39, 377-390.

【非特許文献 5 5】

Towbin, H., Staehelin, T. and Gordon, J. (1979) Electrophoretic transfer of proteins from polyacrylamide gels to nitrocellulose sheets: procedure and some applications. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 76, 4350-4354.

【非特許文献 5 6】

Bhattacharyya, M. K., Paiva, N. L., Dixon, R. A., Korth, K. L. and Stremmer, B. A. (1995) Features of the hmg1 subfamily of genes encoding HMG-CoA reductase in potato. *Plant Mol. Biol.* 28, 1-15.

【非特許文献 5 7】

Asai, T., Tena, G., Plotnikova, J., Willmann, M. R. Chiu, W. -L., Gomez-Gomez, L., Boller, T., Ausubel, F. M., and Sheen, J. (2002) MAP kinase signalling cascade in *Arabidopsis* innate immunity. *Nature* 415, 977-983.

【非特許文献 5 8】

Cardinale, F., Jonak, C., Ligterink, W., Niehausi, K., Boller, T. and Hirt, H. (2000) Differential activation of four specific MAPK pathways by distinct elicitors. *J. Biol. Chem.* 275, 36734-36740.

【0006】

【発明が解決しようとする課題】

植物が備える抵抗反応を利用して病害耐性を強化する試みがなされている。その一つとして、病害応答性プロモータを利用して病害時特異的に抵抗性誘導物質を生成させる方法が検討されている。かかる方法によれば、病害時に特異的かつ迅速な抵抗性誘導物質の生成が行われ、これによって効果的な防御が達成される。

過去にいくつかの病害応答性プロモータが発見されているが、これまでに報告されている病害応答性プロモータは病原菌の感染のみならず傷害又は生育段階においても誘導される場合が多い。したがってこのようなプロモータを用いて抵抗性誘導物質の生成に関与する遺伝子を導入した形質転換植物を作出したとしても、病原菌の感染現場以外（感染時以外）においても導入遺伝子が発現し、これによって植物が害を受けることが予想される。本発明は以上の背景の下なされたものであって、病原菌の感染に対して特異的に応答するプロモータ（病原菌応答性プロモータ）、及びそれを利用した病原菌耐性植物の作出方法等を提供することを目的とする。

【0007】

【課題を解決するための手段】

本発明者は以上の課題に鑑み、ジャガイモ植物から、その病原菌の代表である疫病菌に対して特異的な応答性を有するプロモータの取得を試みた。まず、ファイトアレキシンの生成に関与する遺伝子であるポテトベティスピラディンシンターゼ（PVS）に注目し、疫病菌の主な1次感染場所である葉組織における各PVSメンバー（PVS1～PVS4）の発現動向を詳細に検討した。その結果PVS3のみが親和性レース又は非親和性レースのいずれを接種した場合においても著しく誘導されることが分った。即ち、PVS3のプロモータは親和性レースの感染に対しても応答性を示すことが判明した。

次に、ジャガイモゲノムライブラリーを構築し、これを利用してPVS3の配列の解読を試みた。度重なるスクリーニングの末にPVS3ゲノムDNA配列を決定することに成功した。決定された配列情報を基にしてPVS3プロモータ領域を推定しその

機能を検討したところ、疫病菌に対する応答性が確認された。当該推定プロモータ領域の機能を更に詳細に調べるため、まずGUS遺伝子上流に当該推定プロモータ領域を連結したものを導入したジャガイモ形質転換体を作出した。この形質転換体を用いて種々の実験を行った結果、葉組織の切除（傷害）によってはGUS染色が認められず、一方で疫病菌親和性レースの接種によってGUS染色が確認され、このプロモータ領域が疫病菌特異的、即ち病原菌特異的な応答性を示すことが確認された。

以上のように、本発明者は病原菌の感染に対して特異的に応答するプロモータ（病原菌応答性プロモータ）の取得に成功した。このプロモータを利用すれば、病原菌に感染したときにのみ特定の遺伝子を発現する植物を作出することが可能となる。即ち、当該プロモータを連結した遺伝子を導入して得られる形質転換体では、病原菌の感染に対して、導入したプロモータが特異的に誘導され、その結果導入遺伝子が発現する。導入遺伝子として防御応答を活性化するものを採用すれば、病原菌の感染に対して特異的に防御応答が活性化される植物、即ち病原菌の感染に対して高い耐性を有する植物の作出が可能となる。

【0008】

本発明者が同定に成功した病原菌応答性プロモータ（PVS3プロモータ）はジャガイモ植物から得られたものであるが、その適用対象はジャガイモ植物に限られるものではないと考えられる。まず第1に、PVS3はジャガイモ植物においてファイトアレキシンの合成を触媒する酵素であるが、ジャガイモ植物と他のナス科植物はファイトアレキシンの合成経路がテルペン系の化合物である点で共通し、またファイトアレキシンの合成経路も共通している。さらに、後述するように本遺伝子はSIPKおよびWIPKに依存して誘導されるが、一般に、両酵素はナス科植物に限らず多くの植物に共通して防御応答に関与することが知られている。このような多くの共通点を考慮すれば、本発明のプロモータ（PVS3プロモータ）は、ナス科植物のみならずSIPKおよびWIPKオルソログの重要性が報告されているアブラナ科（非特許文献57を参照）、マメ科植物（非特許文献58を参照）を始めとして他の広範な植物においても同様に病原菌応答性プロモータとして利用できると予想される。

【0009】

本発明は以上の研究成果及び知見に基づいて完成されたものであって、以下の各構成を提供する。

[1] 以下の(a)～(c)のいずれかのDNAを含む病原菌応答性プロモータ、

(a): 配列番号1で示される塩基配列からなるDNA、

(b): 配列番号1で示される塩基配列において1若しくは複数の塩基が置換、欠失、挿入、又は付加された塩基配列からなり、植物細胞内で病原菌応答性プロモータとして機能するDNA、

(c): (a)又は(b)のDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、植物細胞内で病原菌応答性プロモータとして機能するDNA。

[2] 以下の(A)～(C)のいずれかのDNAを含む病原菌応答性プロモータ、

(A): 配列番号2で示される塩基配列からなるDNA、

(B): 配列番号2で示される塩基配列において1若しくは複数の塩基が置換、欠失、挿入、又は付加された塩基配列からなり、植物細胞内で病原菌応答性プロモータとして機能するDNA、

(C): (A)又は(B)のDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、植物細胞内で病原菌応答性プロモータとして機能するDNA。

[3] 以下の(1)～(3)のいずれかのDNAを含む病原菌応答性プロモータ、

(1): 配列番号1で示される塩基配列内の連続した一部分からなり、植物細胞内で病原菌応答性プロモータとして機能するDNA、

(2): (1)のDNAにおいて1若しくは複数の塩基が置換、欠失、挿入、又は付加された塩基配列からなり、植物細胞内で病原菌応答性プロモータとして機能するDNA、

(3): (1)又は(2)のDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、植物細胞内で病原菌応答性プロモータとして機能するDNA。

[4] 疫病菌の感染に対して特異的に応答する、ことを特徴とする[1]～[3]のいずれかに記載の病原菌応答性プロモータ。

[5] [1]～[4]のいずれかに記載のプロモータを含むベクター。

[6] [1]～[4]のいずれかに記載のプロモータと、及び該プロモータの制御下に連結される遺伝子であって、植物内で発現して該植物の防御応答を活性化す

る遺伝子と、を含むDNAコンストラクト。

[7] 前記遺伝子はその発現産物が植物の防御応答を制御する情報伝達経路を活性化する機能を有する、[6]に記載のDNAコンストラクト。

[8] 前記遺伝子はその発現産物がSIPK又はWIPKを活性化する機能を有する、[6]に記載のDNAコンストラクト。

[9] 前記遺伝子は、恒常的活性型MEKをコードする遺伝子である、[6]に記載のDNAコンストラクト。

[10] [6]～[9]のいずれかのDNAコンストラクトで宿主植物を形質転換して得られた形質転換体。

[11] 前記宿主植物がナス科に属する植物である、[10]に記載の形質転換体。

[12] 前記宿主植物がジャガイモ属に属する植物である、[10]に記載の形質転換体。

[13] 以下のステップを含む、形質転換植物の作出方法、
[6]～[9]のいずれかのDNAコンストラクトで宿主植物を形質転換するステップ。

[14] 以下のステップを含む、宿主植物に病原菌耐性を付与する方法、
[6]～[9]のいずれかのDNAコンストラクトで宿主植物を形質転換するステップ。

[15] [1]～[4]のいずれかに記載のプロモータが外来的に導入されている植物。

【0010】

本発明において「病原菌応答性プロモータ」とは、病原菌の感染に対して応答する（誘導される）プロモータを意味する。ここで「プロモータ」とは、その制御下にある遺伝子の転写の開始を調節する機能領域のことをいう。

本発明において「外来的に導入された」とは、外部から導入されたものであることを意味する。したがって「外来的に導入されたプロモータ」とは、宿主細胞に対して外部から導入されたプロモータのことであり、例えば宿主細胞が導入するプロモータと同一のプロモータを初めから保有していた場合には、同一の構成では

あるが導入されたプロモータのみを外来的に導入されたプロモータと呼び両者を区別する。

本明細書において使用される各略号の意味は次の通りとする。ATP: adenosine 5' -triphosphate、BPB: bromophenol blue、BSA: bovine serum albumin、CBB: coomassie brilliant blue、CTP: cytidine 5' -triphosphate、DEPC: diethylpyrocarbonate、DTT: dithiothreitol、EDTA: ethylenediamine-N, N, N', N' -tetraacetic acid、EGTA: ethyleneglycol bis (s-amonoethylether) ethylenediamine-tetraacetic acid、FPP: farnesyl diphosphate、GAP: glyceraldehyde 3-phosphate、GTP: guanosine 5' -triphosphate、HMG-CoA: 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A、HMGR: 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A reductase、HWC: hyphal wall components、Ig: immunoglobulin、IPP: isopentenyl diphosphate、IPTG: isopropyl-1-thio- β -D-thiogalactoside、kD: kilodalton、MOPS: 3- (N-morpholino) propanesulfonic acid、PAGE: polyacrylamide gel electrophoresis、PBS: phosphate-buffered saline、PCR: polymerase chain reaction、PMSF: phenylmethylsulfonyl fluoride、PR: pathogenesis related、SDS: sodium dodecyl sulfate、SHAM: salicylhydroxamic acid、SSPE: sodium chrolide-sodium phosphate、EDTA、TBE: tris-borate, EDTA、TBS: tris-buffered saline、TE: tris-EDTA、Tris: 2-N-tris (hydroxymethyl) aminomethane、TTP: thiamine 5' -triphosphate、X-gal: 5-bromo-4-chloro-3-indolyl- β -D-galactoside。

【0011】

【発明の実施の形態】

(プロモータ)

本発明の第1の局面は病原菌特異的プロモータに関し、その一態様は配列番号1で示される塩基配列からなるDNAを含んで構成される。当該DNAは、後述の実施例に説明されるように、ジャガイモPVS3遺伝子のプロモータ領域として同定された配列であって、病原菌の一種である疫病菌特異的な応答性が認められている。ここに「病原菌」とは、植物に感染して被害を与える菌類のことをいい、疫病菌をはじめとする病原糸状菌は勿論のこと病原性細菌が含まれる。ここに「疫病菌」と

はPhytophthora属に属する菌類であって、感染対象の植物ごとに分類されている。疫病菌の具体例としては、ジャガイモ疫病菌 (Phytophthora infestans)、タバコ疫病菌 (Phytophthora nicotianae)、ダイズ茎疫病菌 (Phytophthora megasperma var. sojae) リンゴ疫病菌 (Phytophthora cactorum及びPhytophthora cambivora) を挙げることができる。一方、疫病菌以外の病原糸状菌としては、ジャガイモ菌核病菌 (Sclerotinia sclerotiorum)、イネいもち病菌 (Magnaporthe grisea)、ダイズさび病菌 (Phakopsora pachyrhizi) を例示することができる。また、病原性細菌としてはトマト青枯病菌 (Ralstonia solanacearum、細菌) を例示することができる。

ここで、本発明のプロモータは病原菌の感染に対して特異的な応答性を有することが好ましい。ここでの「特異的な」とは、特異性が高いことを意味する。したがって、本発明のプロモータは病原菌の感染に対して高い特異性を有するもの、即ち、病原菌の感染に対する応答性を有し且つ病原菌の感染以外の病害に対する応答性が実質的にないプロモータであることが好ましい。

【 0 0 1 2 】

(プロモータの取得方法)

本発明のプロモータは、例えば、ダンシャク (Solanum tuberosum L.) などのジャガイモ植物から常法でゲノムDNAを抽出した後、本発明のプロモータに特異的なプライマーを用いたPCR法等の遺伝子増幅反応を利用して調製することができる。具体的には例えば次の手順で本発明のプロモータを調製することができる。まず、採取した後に凍結処理したジャガイモ植物の葉又は塊茎を乳鉢中で磨碎する。次に、適量の抽出用緩衝液 (例えばSDS含有Tris-HCl緩衝液) を加えて抽出液とする。続いて、フェノール抽出、エタノール沈殿等によってゲノムDNAの抽出、精製を行う。このようにして得られたゲノムDNAを鋳型として配列番号1のプロモータに特異的なプライマーを用いたPCR法を実施することにより、目的のDNA (プロモータ) が増幅産物として得られる。プライマーとしては例えば、次の配列を有する一対のプライマーを使用することができる。

センスプライマー: TTGTCTGCTGCTGCTTGTTGG (配列番号15)

アンチセンスプライマー: TCTCCATGAGTCCTTACATG (配列番号16)

【 0 0 1 3 】

本発明のプロモータの調製方法は上記のものに限定されるものではなく、例えば市販のジャガイモゲノムライブラリー（例えば、ジャガイモ品種Desireeゲノムライブラリー（Clontech））を利用して調製することもできる。このようなジャガイモゲノムライブラリーから目的のプロモータを単離するには、ライブラリーの種類に応じてプラークハイブリダイゼーション法あるいはコロニーハイブリダイゼーション法などが利用される（Molecular Cloning, Third Edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York等を参照）。例えばファージを用いて構築されたライブラリーの場合を例に採ればプラークハイブリダイゼーション法が利用される。目的のプロモータ領域を保有するクローンの選択には、本発明のプロモータに特異的な配列を有するプローブが用いられる。

目的とするクローンが選択されれば、このクローンが保有するDNAを鋳型とし、配列番号1の配列に特異的なプライマーを用いたPCR法等を実施することにより、本発明のプロモータを増幅産物として得ることができる。

得られたクローンが保有するDNAを適当なベクターにサブクロニングして以降の利用に供することができる。これによって例えば、形質転換用の組換えベクターの構築（後述の本発明の第2の局面を参照）や、或は塩基配列解読に適したプラスミドの構築ができる。

【 0 0 1 4 】

（改変プロモータ）

配列番号1の配列はおよそ2600 bpであってプロモータ領域としてはかなり大きいことから、プロモータ活性に直接関与しているのは一部の領域であると予想される。このことを考慮して、配列番号1の配列内の連続した一部からなる領域であっても病原菌応答性プロモータとしての機能が認められれば、本発明における病原菌応答性プロモータを構成し得る。さらに、一般にプロモータの機能領域は構造遺伝子の直前に位置することが多いことを考慮すれば、例えば、図6及び7に示されるPVS3遺伝子の配列において-2000位～-1位の塩基からなる領域（配列番号2）、好ましくは同様に-1500位～-1位の塩基からなる領域（配列番号3）、更に好ましくは同様に-1000位～-1位の塩基からなる領域（配列番号4）が

機能領域の有力な候補となる。

また一方で、一般に、特定の機能を有するDNAの一部に改変を施した場合においても、その機能が維持されることがある。このことを考慮して、以上の本発明のプロモータを構成するDNA（即ち、配列番号1で示されるDNA、或は上記の機能領域からなるDNA）の一部を改変した塩基配列を有するDNA（以下、「改変DNA」ともいう）であっても、病原菌応答性プロモータとしての機能を有する限りにおいて本発明の病原菌応答性プロモータを構成することができる。別に言えば、病原菌応答性プロモータ機能を維持する限りにおいて一部の配列の改変が許容される。ここでの「一部の改変」とは、典型的には、配列番号1（又は配列番号2～4のいずれか）に示される塩基配列において1若しくは複数の塩基が置換、欠失、挿入、又は付加されることをいう。このような改変は複数の部位に生じていてもよい。ここでの「複数」とは改変が行われる位置や改変の種類によっても異なるが例えば2～100個、好ましくは2～50個、より好ましくは2～10個である。以上のような改変DNAは例えば、制限酵素処理、エキソヌクレアーゼやDNAリガーゼ等による処理、位置指定突然変異導入法（Molecular Cloning, Third Edition, Chapter 13, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York）やランダム突然変異導入法（Molecular Cloning, Third Edition, Chapter 13, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York）による変異の導入などによって得られる。

【0015】

配列番号1（又は配列番号2～4のいずれか）の配列を有するDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ植物細胞内で病原菌応答性プロモータとして機能するDNAを本発明のプロモータを構成するDNAとして用いることもできる。或は、配列番号1の配列に上記一部の改変を加えて得られる配列（又は配列番号2～4のいずれかの配列に上記一部の改変を加えて得られる配列）を有するDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ植物細胞内で病原菌応答性プロモータとして機能するDNAを用いることもできる。ここでいう「ストリンジェントな条件」とはいわゆる特異的なハイブリッドが形成され、非特異的なハイブリッドが形成されない条件をいう。ストリンジェントな条件は配列の

長さや構成塩基の種類によっても変動するが、例えば、ハイブリダイゼーション液 (50%ホルムアルデヒド、10×SSC(0.15M NaCl, 15mM sodium citrate, pH 7.0)、5×Denhardt溶液、1% SDS、10% デキストラン硫酸、10 μ g/mlの変性サケ精子DNA、50mMリン酸バッファー(pH7.5)) を用いて42℃でインキュベーションし、その後0.1×SSC、0.1% SDSを用いて68℃で洗浄する条件である。更に好ましいストリンジントな条件としては、ハイブリダイゼーション液として50%ホルムアルデヒド、5×SSC(0.15M NaCl, 15mM sodium citrate, pH 7.0)、1×Denhardt溶液、1%SDS、10%デキストラン硫酸、10 μ g/mlの変性サケ精子DNA、50mMリン酸バッファー(pH7.5)) を用いる条件を例示することができる。

【0016】

(DNAコンストラクト)

本発明のプロモータの制御下に、それが発現することにより植物の防御応答を活性化する遺伝子 (導入遺伝子) を連結することにより、植物に対して病原菌耐性を付与することに利用できるDNAコンストラクトが構築される。形質転換用のDNAコンストラクトとする場合には、本発明のプロモータ及び導入遺伝子が適当なベクター (プラスミド、バクテリオファージ、ウイルス等) に組込まれた状態にあることが好ましい。

【0017】

(導入遺伝子)

導入遺伝子としては、それが導入された植物内で発現することにより当該植物の防御応答を活性化する機能を有するものが用いられる。例えば、植物の防御応答を制御する情報伝達経路を活性化する機能を有する遺伝子を導入遺伝子として採用することができる。このような遺伝子の具体例としてはmitogen-activated protein(MAP)キナーゼの一種であるSIPK (salicylic acid-induced protein kinase) 又はWIPK (Wound-Induced Protein Kinase) を活性化する機能を有するMEK遺伝子を挙げることができる。MEK遺伝子の一例として、ジャガイモ植物のMEK遺伝子 (StMEK) のコード領域の配列 (配列番号5) 及びそれによってコードされるアミノ酸配列 (配列番号6) を図21に示す。

恒常的活性型のタンパク質をコードする遺伝子を導入遺伝子として採用するこ

とが特に好ましい。このような態様によれば、形質転換体内において、防御応答を活性化するタンパク質として初めから活性型のものが生成され、迅速かつ確実に防御反応が進行するからである。恒常的活性型のタンパク質をコードする遺伝子は、野生型のタンパク質をコードする遺伝子の配列を基にして、それがコードするアミノ酸配列の一部が変異するように一部の改変を施すことにより作製することができる。尚、ジャガイモ植物においてはMEKを改変した恒常的活性型MEK (StMEK^{DD}) が作製されており、本発明においてこのStMEK^{DD}をコードする遺伝子を導入遺伝子として利用することもできる。尚、StMEK^{DD}遺伝子のコード領域の配列(配列番号7)及びそれによってコードされるアミノ酸配列(配列番号8)を図22に示す。

ここで、上記における「防御応答」の種類は特に限定されず例えば、ファイトアレキシンの生成、PR (Pathogenesis-Related) タンパク質の発現、活性酸素の生成、パピラ形成、リグニン化などが該当する。

【0018】

(ベクター)

以上のようなDNAコンストラクトの構築に利用されるベクターとしては、本発明のプロモータ及びその制御下に配置される導入遺伝子をターゲット細胞(宿主細胞)に導入することができ且つターゲット細胞内で導入遺伝子を発現させることができるものであれば特に限定されず、目的に応じて適当なプラスミドベクター、 λ ファージベクターなどが利用される。後述するアグロバクテリウムを利用した形質転換に使用するベクターを構築する場合には例えばT-DNA境界配列を有するTiプラスミドベクター、Tiプラスミドバイナリベクターを利用することができる。他方、アグロバクテリウムの介在を必要としない形質転換方法(エレクトロポレーション法、パーティクルガン法など)に使用する場合には、各種pUC系プラスミドベクター、各種 λ ファージベクター(ZAPII等)などを利用して組換えベクターを構築することができる。数多くのベクターが市販されており、本発明ではそれらの中から目的に応じて適切なものを選択して用いることができる。

尚、まず本発明のプロモータを含有するベクターを構築し、その後導入遺伝子の連結を行ってもよい。即ち、所望の導入遺伝子を挿入可能な汎用性の高いベク

ターを構築しておき、これを利用して形質転換用の組換えベクターを作製してもよい。

【0019】

形質転換用の組換えベクターには、典型的には、本発明のプロモータの他に導入遺伝子及び適当なターミネータが含有される。プロモータによる導入遺伝子の適切な転写が達成されるように、上流から下流に向かって順にプロモータ、導入遺伝子、及びターミネータが配置される。組換えベクター内に、選択マーカーやエンハンサー機能を有する配列、シグナルペプチドをコードする配列などを含有させてもよい。

【0020】

(ターミネータ)

ターミネータとはmRNAの合成を終了させる信号として認識される配列である。植物細胞内で適切に機能するターミネータが使用される。例えばNosターミネータを使用することができる。

【0021】

(選択マーカー)

選択マーカーは、形質転換した細胞、組織、カルスなどを識別あるいは選択するために使用される。各種の選択マーカーが周知であって例えば、カナマイシン等に対する抵抗性を付与するnpt遺伝子(Herrera Estrella, EMBO J. 2 (1983)、987-995)やnptII遺伝子(Messing & Vierra, Gene 19:259-268(1982))、ハイグロマイシンに対する抵抗性を付与するhph遺伝子(Blochinger & Diggl mann, Mol Cell Bio 4:2929-2931)、メタトレキセートに対する抵抗性を付与するdhfr遺伝子(Bourouis et al., EMBO J. 2(7))、 β -グルクロニダーゼ (GUS) 遺伝子、GFP遺伝子 (Gerdes, FEBS Lett. 389 (1996)、44-47)、ルシフェラーゼ (Giacomin, Pl. Sci. 116 (1996)、59~72; Scikantha, J. Bact. 178 (1996)、121)などを、使用するベクター宿主系や使用目的などに応じて適宜選択して用いることができる。

【0022】

ベクターへのプロモータや導入遺伝子などの挿入は、制限酵素及びDNAリガー

ゼを用いた方法など、常法に従い行うことができる（例えば、Molecular Cloning, Third Edition, 1.84, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New Yorkを参照）。

【0023】

（形質転換方法）

本発明のDNAコンストラクト又は組換えベクターを植物の形質転換に利用できる。形質転換方法（遺伝子導入方法）としては、アグロバクテリウム利用した方法（アグロバクテリウム法）、ポリエチレングリコールを利用して遺伝子を導入する方法、電氣的刺激を利用して遺伝子を導入する方法（エレクトロポレーション法）、及び遺伝子を結合させた金属粒子を植物組織（細胞）に打ち込む方法（パーティクルガン法）などを用いることができる。各方法についての詳細については種々の文献や成書に記載があり、例えばアグロバクテリウム法についてはProc. Natl. Acad. Sci. USA 86(1989), 8467-8471やPlant Mol. Biol. 20(1992), 963-976等を参照することができる。

尚、ジャガイモ植物を形質転換する場合にはJefferson (1987) の方法（非特許文献19を参照）を採用することもできる。

【0024】

本発明のプロモータおよび導入遺伝子を含むDNAコンストラクトを導入して得られた形質転換体では、病原菌の感染によって導入したプロモータが誘導され、その結果その制御下にある導入遺伝子が発現する。従って、導入遺伝子として病原菌感染の防御に有効なものを採用すれば、病原菌に対して耐性のある植物（形質転換体）が得られる。

形質転換の結果得られた植物細胞を用いて形質転換植物を再生することができる。このような再生方法は、植物の種類に応じて、常法に従い行うことができる。

【0025】

（ターゲット植物）

本発明のDNAコンストラクト又は組換えベクターを用いた形質転換に供される植物（ターゲット植物）は特に限定されず、双子葉植物及び単子葉植物のいずれ

に属するものであってもよい。双子葉植物としては例えば、ナス科（ジャガイモ属、タバコ属、トマト属など）、バラ科（ウメ属、モモ属、リンゴ属など）、マメ科（ダイズ属、エンドウ属など）、アブラナ科（ダイコン属など）、ゴマ科などに分類される植物が挙げられ、一方単子葉植物としては例えば、イネ科（イネ属、コムギ属、ライムギ類、オオムギ類、ハトムギ属、トウモロコシ属、サトウキビ属など）、ユリ科（ネギ属、ニンニク属など）などに分類される植物が挙げられる。

以下、実施例を用いて本発明をより詳細に説明する。

【 0 0 2 6 】

【実施例】

以下の実施例において使用される生物学的材料、試薬、実験方法等は次の通りである。

1. 供試植物

ジャガイモ植物として、真正抵抗性遺伝子R1を持たない栽培品種ダンシャク (*Solanum tuberosum* L.) および真正抵抗性遺伝子R1を持つ品種リシリ (*Solanum tuberosum* L. と野生種 *S. demissum* L. との種間雑種) を使用した。品種ダンシャクは名古屋大学農学部附属農場で栽培し7月に収穫した塊茎、品種リシリは農林水産省北海道農業試験場の圃場で栽培し10月に収穫した塊茎を、いずれも4℃に保存し、供試した。形質転換植物を作製する際は、真正抵抗性遺伝子を持たないメークインを用いた。

【 0 0 2 7 】

2. 供試菌

名古屋大学大学院生命農学研究科資源生物機能学講座植物病理学研究室において保存されているジャガイモ疫病菌 [*Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary] レース0 および レース1, 2, 3, 4 を使用した。また、ジャガイモ疫病菌菌体壁成分 (HWC) エリクター調製に用いる菌として、同研究室で保存されているジャガイモ疫病菌 [*Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary] レース1, 2, 3, 4 を使用した。

【 0 0 2 8 】

3. 菌接種源の調製

ジャガイモ疫病菌の遊走子懸濁液は以下のように調製した。4℃に保存してあるジャガイモ（品種ダンシャク）塊茎を水道水でよく洗浄した後、1%次亜塩素酸ナトリウムに約10分間浸漬した。ジャガイモ塊茎をスライス（厚さ約10 mm）し、水洗した後、約 10^4 孢子/mlに調整した遊走子懸濁液を塗布接種して20℃の加湿暗下で6日間培養した。スライス表面に生育した菌をピンセットでかき取り、冷蒸留水（4℃）に懸濁した。孢子懸濁液を金属メッシュ（356メッシュ）で濾過して菌糸を取り除き、濾紙（ADVANTEC No. 5B）を用いて吸引濾過した。濾紙上に集められた遊走子嚢を冷蒸留水で洗った後、再び冷蒸留水に懸濁して10℃で2時間静置した。遊走子懸濁液は、紫外可視分光解析システム（DUシリーズ600、Beckman）を用いて吸光度を測定し、波長500 nmにおける吸光度が0.068（ 10^5 孢子/ml）となるように濃度調整した後、これを接種源として使用した。

【0029】

4. 菌体壁成分エリシターの調製

Doke and Tomiyama, (1980)の方法（非特許文献14を参照）に従い、疫病菌菌体壁成分（HWC）を以下のように調製した。ジャガイモ疫病菌をライムギ培地30 mlの入った100 ml三角フラスコ中で、20℃で2週間静置培養した。回収した菌体マットを水道水で洗浄した後、水分を吸引濾過により除去し、-80℃で凍結保存した。凍結菌体を乳鉢中で摩砕し、菌体重の5倍量の50 mM 酢酸緩衝液（pH 4.5）に懸濁した。この懸濁液をソニケーター（W-225R Heat System-Ultrasonics Inc.）を用いて出力45 Wで5分間超音波処理した後、 $14,000 \times g$ で30分間遠心分離した。得られた沈殿を先と等量の50 mM 酢酸緩衝液（pH 4.5）に懸濁し、再び先と同条件で超音波処理と遠心分離を行った。得られた沈殿をもとの菌体重と等量の0.1 M ホウ酸緩衝液（pH 8.8）に懸濁し、上記と同様な条件で超音波処理した後120℃で20分間オートクレーブ処理し、 $14,000 \times g$ で30分間遠心分離して上清を回収した。一方、沈殿は再び0.1 Mホウ酸緩衝液（pH 8.8）に懸濁し、超音波処理およびオートクレーブした後、遠心分離した。得られた上清を先の上清と合わせ、透析チューブ（排除限界分子量12,000）を用い、水に対して4℃で24時間透析した。透析後の溶液に等量のジエチルエーテルを分液ロートを用いて混合し、静置した

。エマルジョン層を回収し、エバポレーターを用いてエーテルを減圧乾燥し、濃縮物に適量の水を加えて凍結乾燥した。得られた乾燥標品をHWCとして以下の実験に用いた。HWCの使用に際しては、ソニケーターを用いて出力45 Wで3分間超音波処理して水に懸濁した。

【0030】

5. ジャガイモ塊茎ディスクの調製

ジャガイモ塊茎ディスクは以下のように調製した。4℃に保存してあるジャガイモ（品種リシリ）塊茎を水道水でよく洗浄した後、1%次亜塩素酸ナトリウムに約10分間浸漬した。塊茎を茎軸方向にコルクボーラー（直径20 mm）で打ち抜き、柔組織部より円柱状の組織カラムを作製した。このカラムより、ミクロトームを用いて、厚さ2 mmのディスクを調製した。調製したディスクは直ちに冷蒸留水（約4℃）で洗浄した後、プラスチックチャンバーに並べ、加湿暗下に静置し、21時間加齢した。尚、この作業は全て暗黒下で行った。

【0031】

6. HWC処理および菌接種

上記5.の方法に従って調製したジャガイモ塊茎ディスクを、1枚につき100 μ lずつ蒸留水で前処理し、3時間静置した。その後、各ディスクを1 mg/ml HWC、または対照の100 μ l蒸留水で処理した。また、ジャガイモ疫病菌遊走子をディスクに接種する際には、遊走子濃度を均一に保つために、懸濁液（ 10^5 孢子/ml）を攪拌しながら100 μ l 接種した。ジャガイモ葉組織への菌接種は、1枚につき500 μ l ずつ蒸留水で前処理し、3時間静置した。その後、各葉組織へ遊走子濃度を均一に保つために、懸濁液を攪拌しながら500 μ l接種した。

処理および接種したディスク、葉組織は、さらに20℃加湿暗下に静置し、所定時間静置した。処理後、静置したジャガイモ塊茎ディスク3枚を1組、葉組織8枚を1組にしてアルミホイルに包み、液体窒素中で凍結固定し、-80℃で保存した。

【0032】

7. ジャガイモ葉、または塊茎からの全RNA抽出

全RNA抽出はYoshioka et al. (1996) の方法（非特許文献52を参照）で行った。ジャガイモ葉、または塊茎ディスク各2 gを乳鉢中で液体窒素を加えながら

磨碎し、5 ml抽出緩衝液 [100 mM Tris-HCl (pH 9.0), 100 mM NaCl, 1 % SDS]、1 ml 2-メルカプトエタノール、2.5 ml 1 M トリス (pH 9.0) 飽和フェノール、2.5 ml クロロホルム・イソアミルアルコール (24:1; v/v)、のに入ったDEPC処理済みの滅菌遠心管に入れ良く懸濁した後、遠心分離 (8,000 rpm、15分間) した。回収した上清に対し20分の1量の5 M 塩化ナトリウム、5 mlのイソプロパノールを加え、-20℃で1時間静置した。遠心分離 (8,000 rpm、15分間) により得られた沈殿を5 ml グアニジニウム塩緩衝液[4 M グアニジンチオシアネート、25 mM 酢酸ナトリウム (pH 7.0)、0.5% N-ラウロイルサルコシン、20 mM 2-メルカプトエタノール]、500 μ l 2M 酢酸ナトリウム (pH 4.0)、5 ml 水飽和フェノール、1 ml クロロホルム・イソアミルアルコール (49:1, v/v) を加え、良く懸濁し、遠心分離 (8,000 rpm、15分間) した。回収した上清に5 mlのイソプロパノールを加え、-20℃で1時間静置した。遠心分離 (8,000 rpm、15分間) により得られた沈殿を300 μ l グアニジニウム塩緩衝液に懸濁し、等量のイソプロパノールを加え、-20℃で1時間静置した。遠心分離 (12,000 rpm、15分間) により得られた沈殿を室温下で、500 μ l 3M 酢酸ナトリウム (pH 5.2) で洗浄し、遠心分離 (12,000 rpm、15分間) した。この洗浄操作を2回繰り返し、さらに500 μ lの70% エタノールで洗浄し、遠心分離 (15,000 rpm、15分間) した。得られた沈殿は真空乾燥後100 μ lのDEPC処理水に溶解し、これを全RNA試料とした。

【 0 0 3 3 】

8. ノーザン解析

全RNAをホルムアルデヒドアガロースゲル電気泳動(非特許文献37を参照)で分画した後、アルカリプロッティング法(非特許文献36を参照)でHybond-N+ナイロン膜(Amersham)に転写・固定した。プローブに葉PVS1 cDNAを用いた。

RNAを吸着させたナイロン膜を、42℃のプレハイブリダイゼーション溶液[50%ホルムアミド、5 x デンハルト溶液 (非特許文献37を参照)、5 x SSPE (非特許文献37を参照)、0.5% SDS、100 μ g/ml熱変性サケ精子DNA(Pharmacia)]中で1時間以上放置した後、³²P標識DNAプローブを添加し、42℃下で16時間以上ハイブリダイゼーションを行った。この膜を0.1% SDS含有4 x SSPE中で室温下15分間 (2回)、0.1% SDS含有4 x SSPE中で60℃下15分間、さらに0.1% SDS含有2 x

SSPE中で60℃下15分間(1回)順次洗浄した。オートラジオグラフィーは、X線フィルムOMAT-AR(Kodak)および増感紙Lighting Plus(Dupont)を用いて、-80℃下で行った。

【 0 0 3 4 】

9. RT-PCR

RT-PCRはRT-PCR high-Plus(TOYOBO)を用いて行った。cDNA合成には全RNA 1.0 μ g、アンチセンスプライマー10 pmol/ μ lおよびアンチセンスプライマー10 pmol/ μ lを用いて、94℃(1分間)、47℃(1分間)からなる増幅反応を25サイクル行った。使用したプライマーは以下のとおりであり、図23にそれぞれのcDNAにアニールする位置を示した。

PVS1: 5'-AGGAGATTGTTGCGCCCAT-3' (配列番号9) 及び5'-TCTCCATGAGTCCTTACATG-3' (配列番号10) (469 bp)、もしくは5'-CATCGATTGTTTGTACATCTG-3' (配列番号11) 及び5'-AATAATGATACAAAAAATTAAGG-3' (配列番号12) (176 bp)

PVS2: 5'-TATCAATTCACCAAGGAACACT-3' (配列番号13) 及び5'-GAAGTAATTAAATTAAATATTATCAA-3' (配列番号14) (132 bp)

PVS3: 5'-TTGTCTGCTGCTGCTTGTGG-3' (配列番号15) 及び5'-TCTCCATGAGTCCTTACATG-3' (配列番号16) (326 bp)

PVS4: 5'-AGGACATTGTTGACCTGTT-3' (配列番号17) 及び5'-TCTCCATGAGTCCTTACATG-3' (配列番号18) (469 bp)、もしくは5'-CATCCCTTAAATTTATAAGTATTC-3' (配列番号19) 及び5'-AATAATGATACAAAATTAAGG-3' (配列番号20) (131 bp)

合成されたcDNAを2%アガロースゲル電気泳動により分画し、臭化エチジウムで染色してバンドの有無を確認した(非特許文献37を参照)。

【 0 0 3 5 】

10. ジャガイモ塊茎からの可溶性画分の調製

ジャガイモ塊茎ディスクからの可溶性画分の調製はDixon and Fuller, (1978)の方法(非特許文献13を参照)を一部改変して行った。

ジャガイモ塊茎ディスク3枚を1組にしてアルミホイルに包み、液体窒素中で凍結固定し-80℃下保存した。凍結したジャガイモ塊茎ディスクを乳鉢中で液体窒

素を加えながら乳棒により粉碎した。得られたジャガイモ塊茎粉末に、フェノール吸着剤であるポリクラAT 2gを加え乳棒により攪拌した。その後7 mlの抽出緩衝液[0.1M ホウ酸ナトリウム(pH 8.8) 1 mM PMSF(phenylmethylsulfonyl fluoride)、10 mM 2-メルカプトエタノール]を加え懸濁した後冷却遠心(14,000rpm 20分 4℃)。得られた上清を-80℃下で保存した。

【0036】

11. 大腸菌での融合タンパク質の発現とその抽出

抗体の作製に用いる抗原を得るため、ジャガイモPVSの大腸菌内での発現を行った。EcoRI、およびXhoIにより切断した発現ベクターpET-32b(+) (宝酒造) にPVS1 cDNAの翻訳可能領域全長を挿入し、得られたベクターを大腸菌(BL21, Novagen)に導入した。この大腸菌を50 μ g/mlカルベニシリンを含むLB寒天培地へ植菌し、37℃で一晩培養した。200 μ g/ml カルベニシリンを含むLB液体培地50 mlを入れた500 mlフラスコを4本用意し、培地上のシングルコロニーをかき取り、各々のフラスコに懸濁した。A₆₀₀ = 0.6になるまで37℃で振盪培養(140 rpm)し、このうち250 μ lを誘導前タンパク質試料として融合タンパク質の発現の確認に用いた。その後最終濃度1 mMとなるようにIPTGを添加してタンパク質の発現を誘導し、さらに37℃で3時間振盪培養(140 rpm)した。氷上で5分間冷却した後、培養液を遠心分離(5,000 rpm、10分間)した。上清を取り除き、沈殿を5 ml大腸菌懸濁溶液[50 mM Tris-HCl (pH 8.0), 2 mM EDTA]に再懸濁し、このうち100 μ lを誘導後タンパク質試料として融合タンパク質の発現誘導の確認に用いた。再度培養液を遠心分離(5,000 rpm、10分間)し上清を取り除き、大腸菌の沈殿を融合タンパク質の可溶性の確認に用いた。

融合タンパク質の発現誘導の確認および可溶性の確認は以下のように行った。上記のようにサンプリングした誘導前および誘導後タンパク質試料を遠心分離(5,000 rpm、30秒間)した後上清を取り除き、沈殿を大腸菌懸濁溶液100 μ lに再懸濁した。各々の懸濁液より10 μ lずつサンプリングした後、SDS-PAGE、ウエスタン解析を行った。SDS-PAGEおよびウエスタン解析は20. SDS-PAGEおよびウエスタン解析の項目に従った。発現誘導を確認した後、融合タンパク質を発現誘導した大腸菌の沈殿を、あらかじめ氷冷した5 ml Binding Buffer[5 mM イミダゾー

ル、0.5 M 塩化ナトリウム、20 mM Tris-HCl(pH 7.9)]によく懸濁した。懸濁液を透明な遠心チューブに移し替え、遠心チューブを氷冷しながら超音波破碎機で大腸菌を破碎した。菌体懸濁液を遠心分離 (12,000 rpm、10分間) し、上清を可溶性画分とした。沈殿に5 ml尿素入りBinding Buffer (6 M尿素をBinding Bufferに加えたもの) を加え再懸濁した後、懸濁液を遠心分離 (12,000 rpm、10分間) し、上清を尿素画分とした。可溶性画分、尿素画分から10 μ lずつサンプリングした後、SDS-PAGE、ウエスタン解析を行った。SDS-PAGEおよびウエスタン解析は14. SDS-PAGEおよびウエスタン解析の項目に従った。

融合タンパク質が尿素画分に確認されたので、尿素を徐々に抜き、産生タンパク質の構造を再生した。タンパクの再生作業は以下のように行った。尿素画分を透析チューブに移し、200 mlの4 M尿素透析外液[4 M 尿素、10 mM Tris-HCl(pH 7.0)、5 mM DTT]に対して4℃で1時間透析した。透析外液を200 mlの2 M尿素透析外液 (4 M尿素透析外液のうち尿素濃度を2 Mに代えたもの) に交換し、4℃で1時間透析した。さらに透析外液を200 mlの無尿素透析外液 (4 M尿素透析外液のうち尿素を除いたもの) に交換し、4℃で1時間透析した。再び透析外液を200 mlの無尿素透析外液 (4 M尿素透析外液のうち尿素を除いたもの) に交換し、4℃で一晩透析した。この溶液をエッペンドルフチューブに移し、遠心分離 (15,000 rpm、10分間) した後、上清を新しいチューブに移した。この画分を再生画分とし、抗原として抗体の作製に用いた。以上の操作で、8 mg/mlの融合タンパク質が4 ml得られた。

【0037】

12. 抗PVS抗体の作製

マウス (BALB/c、雌、4週齢) を5日間飼育した後、大腸菌で発現させた融合タンパク質100 μ gを含む溶液とコンプリートフロイントアジュバンド (DIFCO) を等量混合したエマルジョンを100 μ l腹腔に注射した。1週間後、融合タンパク質100 μ gとインコンプリートフロイントアジュバンド(DIFCO) を等量混合したエマルジョンを100 μ l腹腔に注射した。その10日後マウスの尾を切断して採血し、HMGRに対する抗体ができているかどうかをウエスタン解析法を用いて調べた。抗原抗体反応が認められたので再び融合タンパク質100 μ gとインコンプリートフロイン

トアジュバンド(DIFCO)を等量混合したエマルジョンを100 μ l腹腔に注射した。一週間後に採血し、4℃で一晩静置して血餅を沈殿させた。この血液を遠心分離(10,000 rpm、15分間)し、上清を抗血清としてエッペンドルフチューブに少量ずつ分注し、-80℃で保存した。

【0038】

13. タンパク質の定量

試料のタンパク質濃度の測定は、Bradford(1976)の方法によるタンパク質の定量キット(BIO-RAD)を用いて行った。検量線はBSAを用いて作成した。

【0039】

14. SDS-PAGEおよびウエスタン解析

タンパク質試料のSDS-PAGEはLaemmli (1970)の方法に準じた。試料10 μ lを試料緩衝液[2% SDS、10% メルカプトエタノール、0.002% BPB、20% グリセロールを含む50 mM Tris-HCl (pH 8.5)] 10 μ lと混合し、5分間煮沸した後氷冷し、10% ポリアクリルアミドゲルを用いて電気泳動を行った。

ウエスタン解析は、Towbin et al. (1979)の方法(非特許文献55を参照)に従って行った。SDS-PAGE後のゲル、濾紙、ニトロセルロース膜(PROTRAN, Schleicher and Schuell)をそれぞれ転写用緩衝液(0.1 M Tris、0.192 M グリシン、20% メタノール、0.1% SDS)に30分間浸した後、セミドライブロッター(ATTO)のステージに置き、2 mA/cm²の定電流で60分間通電してゲル中のタンパク質をニトロセルロース膜に転写した。このニトロセルロース膜を5%スキムミルクを含むTBS-T[137 mM塩化ナトリウム、0.1% Tween 20を含む50 mM Tris-HCl緩衝液(pH 7.6)]中で一晩振盪し、ブロッキングを行った。この膜をTBS-T中で15分間の洗浄を1回、5分間の洗浄を2回行った後、一次抗体として抗ジャガイモPVS抗体(2,000倍希釈)を含むTBS-T中で1時間振盪した。再び膜をTBS-T中で洗浄した後、二次抗体として抗マウスIg抗体(Amersham)を含むTBS-T中で30分間振盪した。膜をTBS-T中で洗浄後、ECL検出キット(Amersham)を用いてHyper Film(Amersham)上にシグナルの検出を行った。

【0040】

15. プローブの作製

ジャガイモのPVS1~4 cDNAを組み込んだプラスミドを鋳型とし、図23に示すプライマーを用いてそれぞれの遺伝子の塩基配列に特異的なPCRにより増幅した。反応は、TaKaRa Taq™ (宝酒造) およびインサートDNAを組み込んだプラスミド2 ngを用い、DNAサーマルサイクラーPJ2000 (Perkin Elmer Cetus) で94℃ - 1分間 (熱変性)、53℃ - 45秒間 (アニーリング)、72℃ - 2分間 (DNA伸長反応)、25サイクルという条件下で行った。0.8% アガロースゲル電気泳動により増幅されたDNA断片のサイズを確認した。QIAquick Gel Extraction Kit (QIAGEN) を用いてゲルよりDNA断片を精製した。

【0041】

16. ジャガイモゲノムライブラリーのスクリーニング

ゲノムライブラリーは、既製のジャガイモゲノムライブラリー (ジャガイモ品種Desiree, Clontech) を用いた。

ファージクロンの選抜はブランクハイブリダイゼーション法 (非特許文献37を参照) により行った。1プレート当たり30,000ブランクとなるように調整したファージ溶液と200 μ lの宿主大腸菌XL1-Blue MRA(P2) strain (10 mM 硫酸マグネシウム、A₆₀₀ = 2) を混合し、37℃下で20分間静置した後、3 ml NZYMトッパアガロース (1% NZアミン、0.5% 酵母エキス、10 mM 硫酸マグネシウム、0.5% 塩化ナトリウム、0.6% アガロース) に混合し、NZYM寒天培地 (1% NZアミン、0.5% 酵母エキス、10 mM 硫酸マグネシウム、0.5% 塩化ナトリウム、1.5% 寒天粉末) 上に重層接種した。ブランク直径が約0.5 mmになるまで37℃下で培養した後、4℃下に一時間以上静置した。培地上のブランクをHybond-N+ナイロン膜 (Amersham) に吸着させ、変性溶液 (1.5 M NaCl, 0.5 M NaOH) で7分間、中和溶液 [1.5 M 塩化ナトリウム、0.5 M Tris-HCl (pH 7.2)、1 mM EDTA] で3分間処理した後、2 x SSPEで洗浄した。さらに、0.4 M 水酸化ナトリウムによってDNAを膜上に固定した後、5 x SSPE (2回) で洗浄した。合計で6.0 x 10⁵ クローンから目的のクローンを選抜した。

1次スクリーニングの後、PVS1~4各メンバー特異的なプライマーを用いたPCRにより想定されるサイズのバンドが確認されたPVS1、PVS3およびPVS4 を選び、2次、3次スクリーニングを行った。

プローブの作製、ハイブリダイゼーション、洗浄およびオートラジオグラフィは、18. で述べるサザンハイブリダイゼーションの場合と同様に行った。

【0042】

17. ファージDNAの単離・精製

ファージDNAの単離・精製は、液体培養法(非特許文献23を参照)とポリエチレングリコール(PEG)沈殿法(非特許文献37を参照)に基づいて、以下の方法により行った。目的のプラークを寒天より回収し、100 μ lのSM溶液[50 mM Tris-HCl (pH7.5)、0.1 M 塩化ナトリウム、7 mM 硫酸マグネシウム、0.01% ゼラチン]および1 μ l クロロホルムを含む1.5 ml チューブに移して4℃に一晩静置した後、よく懸濁した。200 ml フラスコを用い、宿主大腸菌[XL1-Blue MRA (P2) strain]を80 ml NZYM (1% NZアミン、0.5% 酵母エキス、10 mM 硫酸マグネシウム、0.5% 塩化ナトリウム) で30℃下で一晩振盪培養した。遠心分離 (8,000 rpm、3分間、4℃) により沈殿した宿主大腸菌を回収した後、10 mM 硫酸マグネシウム溶液中に懸濁し、 $A_{600}=2$ に調整した。このように調製した500 μ lの宿主大腸菌懸濁液と50 μ lのファージ懸濁液を混合し、37℃下に20分間静置した後、50 ml NZYMを用いて37℃下で振盪培養し溶菌を確認した。2.9 g塩化ナトリウムおよび0.4 ml クロロホルムを添加し、さらに10分間振盪した。遠心分離 (10,000 rpm、10分間、4℃) により上清を回収し、上清の5分の1量の50% PEG 6000を混合した後、氷中に1時間静置した。遠心分離 (12,000 rpm、20分間、4℃) により沈殿を回収し、400 μ l Tris-Mg-NaCl[10 mM Tris-HCl (pH7.5)、49.6 mM 塩化ナトリウム、4.9 mM 塩化マグネシウム]に懸濁した。この溶液に4 μ lの10 mg/ml RNase A(Sigma)および4 μ lの10 mg/ml DNase I(Sigma)を添加し、37℃下で1時間処理した後、クロロホルム抽出を3回行った。回収した上層と等量の2 x STE[80 mM Tris-HCl (pH7.5)、2% SDS、0.5 M EDTA]および5分の1量の10 mg/ml プロテイナーゼKを添加して、65℃下で10分間処理した後、同容量のTris飽和フェノール、フェノール:クロロホルム:イソアミルアルコール (25:24:1, v/v/v)、クロロホルム:イソアミルアルコール (24:1, v/v) によって、順次抽出した。回収した上層に2倍量の冷エタノールを加え、-20℃下で30分間静置した後、遠心分離 (12,000 rpm、10分間、4℃) により沈殿を回収した。沈殿を70% エタノールで洗浄後、

減圧乾燥し、100 μ l の H₂O に溶解した。

【0043】

18. サザン解析

目的のクローンの全DNAを所定の制限酵素（宝酒造）により消化し、0.8% アガロースゲル電気泳動により分画した（非特許文献37を参照）。分画したDNA断片をアルカリブロットィング法（非特許文献36を参照）によりHybond-N+ナイロン膜（Amersham）上に転写した。

³²P標識DNAプローブは、ランダムプライミング法（Feinberg and Vogelstein, 1983）により [α -³²P] dCTP（ICN Biochemicals）およびMegaprime DNA Labelling systems（Amersham）を用いて作製した。

DNAを吸着させたナイロン膜を、42℃のプレハイブリダイゼーション溶液[5 x デンハルト溶液（非特許文献37を参照）、5 x SSPE（非特許文献37を参照）、0.5% SDS、100 μ g/ml 熱変性サケ精子DNA（Pharmacia）]中で1時間以上放置した後、³²P標識DNAプローブを添加し、42℃下で16時間以上ハイブリダイゼーションを行った。この膜を0.1% SDS含有2 x SSPE中で10分間（2回）、さらに0.1% SDS含有1 x SSPE中で10分間（1回）順次洗浄した。なお、洗浄はすべて室温下で行った。オートラジオグラフィーは、X線フィルムOMAT-AR（Kodak）および増感紙Lighting Plus（Dupont）を用いて、-80℃下で行った。

【0044】

19. プラスミドの調製

塩基配列を決定するための目的DNA断片のサブクローニングには、pBluescript KS+（Stratagene）を用いた。

目的のクローンの全DNAを所定の制限酵素（宝酒造）により消化し、0.8% アガロースゲル電気泳動により分画した後（非特許文献37を参照）、目的のDNA断片を含むアガロースゲルをQIAquick Gel Extraction Kit（Qiagen）を用いて精製した。制限酵素により消化したベクターは、Alkaline phosphatase E.coli C75（宝酒造）による脱リン酸化処理（37℃、1時間）を行った後、フェノール：クロロホルム：イソアミルアルコール（25:24:1, v/v/v）、クロロホルム：イソアミルアルコール（24:1, v/v）によって、順次抽出した。回収した上層に2倍量の

冷エタノールおよび20分の1量の3 M NaClを加え、-20℃下で30分間静置した後、遠心分離 (12,000 rpm、10分間、4℃) により沈殿を回収した。沈殿を70% エタノールで洗浄後、減圧乾燥し、20 μ l TE[10 mM Tris-HCl (pH 8.0), 1 mM EDTA] に溶解した。以上のように調製したベクターおよびインサートを、ベクター：インサートのモル比が1:1となるように調整し、DNA Ligation Kit ver. 2 (宝酒造) によりライゲーションした。E.coli JM109 Competent Cell (宝酒造) を、ライゲーションしたプラスミドDNAで形質転換した後、LB/Amp/X-gal/IPTG寒天培地上 (1% Bacto Trypton、0.5% 酵母エキス、1% 塩化ナトリウム、0.1 mg/ml アンピシリン溶液、0.004% X-gal溶液、0.5 mM IPTG溶液、1.5% 寒天粉末) に接種し、37℃下で一晩培養した。青白選択した単コロニーをLB/Amp液体培地 (2 ml LB、0.1 mg/ml アンピシリン) で一晩培養し、プラスミドDNAの単離を行った。プラスミドDNAの抽出および精製は、FlexiPrep Kit (Amersham Pharmacia Biotech) を用いて行った。

【0045】

20. DNA塩基配列の決定とデータベース解析

塩基配列の決定は、デオキシターミネーション法(非特許文献38を参照)に基づくPRISM Dye Deoxy Termination Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Applied Biosystems) を用いて行った。反応物の変性ポリアクリルアミドゲル中での電気泳動と塩基配列の読みとりには、ABI 373S DNAシーケンサー・DNAシーケンス自動解析装置 (Applied Biosystems) を用いた。塩基配列の結合、読み枠のアミノ酸配列と既知遺伝子との相同性について、国立遺伝学研究所日本DNAデータベース (DDBJ) の大型コンピューターのBLASTプログラム(非特許文献1を参照)を用いて解析した。アミノ酸配列の整列には、CLUSTALwプログラム(非特許文献43を参照)を用いた。

【0046】

21. ジャガイモ塊茎プロトプラストを用いたトランジェントアッセイ

ジャガイモ塊茎プロトプラストを用いたトランジェントアッセイはHashimoto et al. (1992)の方法(非特許文献18を参照)を参考に、以下のように行った。ジャガイモ培養細胞由来のプロトプラストを 1×10^6 個含む溶液 800 μ l (0.5 M

mannitol, 0.1 mM MgSO₄, pH 7.0)に、導入する遺伝子を25 μ g加え、ピペッティングにより静かに混和し、氷上で10分間静置した。この溶液を、あらかじめ冷やしておいたキュベットに移し、遺伝子導入装置CUY21 (トキワサイエンス) を用いて定電流条件でエレクトロポレート(60v, 50 pon, 75 poff, 4回)した。溶液を遠心チューブに移し、氷上に10分間静置した後、上清を取り除き、900 μ l 培養液を加え、12穴培養プレートに移し、20℃の暗所に1時間静置した。その後PVS3の推定プロモータ領域を含むベクターをエレクトロポレートしたプロトプラストには、滅菌水を100 μ lもしくは1 mg/ml HWCを100 μ l 加えて12時間静置した。なお、ポジティブコントロールにはCaMV 35Sプロモータ領域を含むベクターを用い、エレクトロポレートしたプロトプラストは、12時間静置した。上清を取り除き、プロトプラストを1 x PBSで洗浄した後、Dual-Luciferase Reporter Assay System(Promega)を用いてルシフェラーゼ活性を測定した。

【 0 0 4 7 】

22. 形質転換植物の作製およびGUS染色

形質転換植物の作製およびGUS染色はJefferson(1987)の方法 (非特許文献 1 9 を参照) に準じた。形質転換植物の作製には、無菌的に培養されたメークインの茎を用いた。形質転換ベクターpBI121(Clontech)のCaMV35Sプロモータを削除し、翻訳開始コドン上流2648 bpのPVS3推定プロモーター領域をGUS遺伝子の上流にインフレームでGUSが翻訳されるようにBamH1を介して連結した(図 1 1)。このベクターをAgrobacterium tumefaciens LBA4404 (Clontech) にエレクトロポレーション法で導入した。切除した茎を2分間A. tumefaciensの培養液中に浸すことで感染させ、シャーレ中の3C5ZR培地上[Sucrose 30 g, GellanGum 2 g, MS mineral (10x) 100 ml, Fe-EDTA 5 ml, Myo-inositol 100 ml, 3C5ZR vitamin (Thiamin HCl 1 mg/ml 1 ml, Nicotinic acid 1 mg/ml 0.5 ml, Pyridoxine HCl 1 mg/ml 0.5 ml, Asparatic acid 1 mg/ml 0.4 ml) 2.4 ml, IAA (0.1 mg/ml) 5.3 ml, Zeatin riboside (0.1 mg/ml) 17.5 ml, pH 5.9, per 1000 ml]に20℃下で3日間静置した。その後、カナマイシン(100 μ g/ml)および Cefotaxime(300 μ g/ml)を含む3C5ZR培地上に移した。これを一週間ごとに繰り返し、シュートが出現したらS1再生培地上(Sucrose 15 g, GellanGum 3 g, S1 mineral (10x) 100 ml,

Fe-EDTA 5 ml, V2 vitamin 2.0 ml, pH 5.7, per 1000 ml)に移して、根の再生を確認する。

GUS染色する際は、植物組織をGUS染色溶液中[X-Gluc (50 mg/ml in DMF) 100 μ l, 500 mM Phosphate buffer(pH 7.0) 1 ml, 100% Methanol 2 ml, 0.5% Triton X-100 7.9 ml, per 10 ml]に減圧浸透し、37℃の暗黒条件下で一昼夜染色する。その後、染色組織を酢酸：エタノール：グリセロール（1：3：1）の脱色液中で煮沸脱色して観察した。また、接種されたジャガイモ疫病菌を顕微鏡観察する際は、脱色した組織をラクトフェノール溶液中(lactic acid 10 ml, phenol 10 g, glycerol 10 ml water 10 ml, 40 ml ethanol)で煮沸し、これを繰り返した。その後、飽水クロラル(2.5 g/ml)を染み込ませた濾紙上で2日間、4℃の暗黒条件下で脱色して観察した(非特許文献49を参照)。

【0048】

23. ジャガイモ葉組織における*Agrobacterium tumefaciens*を介したトランジェントアッセイ

A. *tumefaciens*を介したトランジェントアッセイは、Chang et al. (2002)の方法(非特許文献7を参照)に準じて行った。Cf-9/Avr9またはStMEK^{DD}(配列番号7)を含むバイナリーベクターをエレクトロポレーションにより導入したA. *tumefaciens* LBA4404を、リファンピシン(50 μ g/ml)および所定の抗生物質を加えて培養した。A. *tumefaciens*を遠心(3,000 rpm, 15分間)により集菌し、導入緩衝液(1/10x Murashige-Skoog salts, 1/10x B5 vitamins, 2% sucrose, 1% glucose, 150 μ M acetosyringone, 20 mM MES pH 5.4)で懸濁してOD₆₀₀=0.1になるように濃度を調整した。1 mlのシリンジを用いて葉の裏から懸濁液を注入し、2日後にGUS染色した。

【0049】

<実施例1> 疫病菌接種したジャガイモ塊茎組織におけるPVS mRNAの蓄積動向
ジャガイモ塊茎組織において、親和性、非親和性レース接種および、水処理後、経時的にジャガイモ塊茎ディスク3枚より全RNAを抽出して、PVS1 cDNAを用いてノーザン解析を行った。解析結果を図2に示す。親和性菌処理区、非親和性菌処理区双方において、PVS mRNAの蓄積が認められた。

【0050】

＜実施例2＞ 疫病菌接種したジャガイモ塊茎組織におけるPVS1～4各メンバー特異的なRT-PCR

ジャガイモ塊茎組織において、PVS1～4のいずれのメンバーが発現しているのかを調べるために、親和性、非親和性レース接種および、水処理後、3、6時間後凍結したジャガイモ塊茎ディスク3枚より全RNAを抽出して、PVS1～4各メンバー特異的なプライマー（配列番号9、10、13、14、15、16、17、及び18）を用いてRT-PCRを行った。親和性菌処理区、非親和性菌処理区双方において、PVS1～4それぞれ469 bp、132 bp、326 bpおよび469 bpの推定されるサイズにバンドが検出された（図3）。

【0051】

＜実施例3＞ 非親和性レースおよび親和性レースを接種したジャガイモ塊茎組織におけるPVSタンパク質のウエスタン解析

PVS mRNAの蓄積動向が実際のタンパク質合成に反映されているのか調べるため、抗ジャガイモPVS抗体を作製し、ウエスタン解析を行った。抗体の作製に用いる抗原を得るため、推定アミノ酸配列を基に大腸菌内での発現を行った。PCRにより調製したPVS1 cDNA翻訳領域を発現ベクターに挿入して、チオレドキシンの融合タンパク質として大腸菌内で発現させた。発現誘導前後の大腸菌全タンパク質についてSDS-PAGEを行い、ゲルをCBB溶液で染色した。尿素画分に約83 kDのバンドが検出できたので、この画分から尿素を透析除去し、抗体作製の抗原として用いた。

作製した抗体を用いて抗体の力価を検討したところ、1,000倍希釈にして用いた場合、10 ngの抗原を検出することができた。以後のウエスタン解析を行うのに十分な力価を有した抗体であると判断されたので、24時間エイジングした後、水処理、非親和性レースまたは親和性レースを接種して24時間後までジャガイモ塊茎ディスクより可溶性画分を調製し、抗ジャガイモPVS抗体を用いてウエスタン解析を行った（図4）。非親和性および親和性レースのいずれの接種区においても、6時間以降にPVSタンパク質の蓄積が認められた。一方、水処理区ではPVSタンパク質の蓄積は認められなかった。これらの結果は、PVS mRNAの蓄積が、菌接

種6-9時間後をピークとする図2の結果を支持するものであると考えられる。

【0052】

＜実施例4＞ 疫病菌接種したジャガイモ葉組織におけるPVS1～4各メンバー特異的なRT-PCR

ジャガイモ葉組織において、PVS1～4のいずれのメンバーが発現しているのかを調べるために、親和性、非親和性レース接種および水処理、傷害処理後、12時間後まで経時的にジャガイモ葉3枚より全RNAを抽出して、PVS1～4各メンバー特異的なプライマー（配列番号11、12、13、14、15、16、19、及び20）を用いてRT-PCRを行い、その後PVS1～4各メンバー特異的なcDNAプローブを用いてサザン解析した。親和性菌接種区、非親和性菌接種区双方において、PVS3においてのみ326 bpの推定されるサイズに著しいmRNAの蓄積を示すバンドが検出された（図5）。また、ポジティブコントロールとし用いた塊茎組織由来のRNAを用いた場合においてはPVS1～4それぞれ176 bp、132 bp、326 bpおよび131 bpの推定されるサイズにバンドが確認された（図5）。

【0053】

＜実施例5＞ ジャガイモゲノムライブラリーのスクリーニング

ジャガイモのゲノムサイズは1倍体当たり $1.6 - 1.8 \times 10^9$ bpであり (Arumugathan and Earle, 1991)、ジャガイモゲノムライブラリーのサイズ平均値が1プラークあたり 1.5×10^4 bpであること、またジャガイモが4倍体であることを考えると、ジャガイモの全染色体をスクリーニングするためには、少なくとも 5.2×10^5 個のプラークをスクリーニングする必要がある。そこで、PVS1 cDNAの全長をプローブとして、 6.0×10^5 個のプラークをスクリーニングした。1次スクリーニングの結果、87クローンが確認された。これら、87クローンのうち、PVS1～4を区別すると共に、推定プロモータ領域を得るため、PVS1～4それぞれのメンバー特異的な部位でプライマーを構築し、そのPCR産物を電気泳動した。PVS1、PVS3および、PVS4をそれぞれ、3クローン選択して2次、3次スクリーニングを行った。

スクリーニングの結果得られたクローンをEcoRI、HindIIIまたはXhoIにより単独消化し、スクリーニングの際用いたプライマーによるPCR産物をプローブとし

てサザンハイブリダイゼーションを行った。その結果、このプローブとハイブリダイズするバンドが検出された。目的のクローンが得られたことが確認されたので、ハイブリダイズしたEcoRIおよびHindIII消化によるDNA断片をpBluescript K S+ベクターにサブクローニングし、塩基配列を決定した。

【0054】

<実施例6> DNA塩基配列の決定とデータベース解析

サブクローニングしたPVS1、PVS3およびPVS4のDNA断片の全塩基配列の決定を行った(図6、7、8、9)。尚、図6及び図7にはPVS3のプロモータ領域(配列番号1)及びコード領域(配列番号21)が示される。PVS3 cDNAおよびPVS3のゲノム構造について調べるため、既に単離されているPVS3 cDNA(非特許文献53を参照)と本実施例で得られたPVS3ゲノムDNA配列を比較した。PVS3については3' 非翻訳領域を除いて全ての塩基配列および推定されるアミノ酸配列が一致し、6つのイントロンで分断されることが明らかになった(図8)。一方、PVS1、およびPVS4双方とも、5つのイントロンで分断されており、PVS3とは異なっていた(図9)。ジャガイモ植物の栽培品種は4倍体であり、各アイソジーンがゲノム中に複数存在する例が知られている(非特許文献56)。本実施例で得られたPVS3ゲノムクローンも3' 非翻訳領域のみがPVS3 cDNAと異なっていたことから、PVS3サブファミリーの一つをコードする遺伝子であると思われる。

Back and Chappel(1996)は、セスキテルペンシクラーゼにおける機能分化について報告している(非特許文献4を参照)。タバコ(TEAS)、トウガラシ(PEAS)のセスキテルペンシクラーゼである5-エピ-アリストロキンシンターゼと、ヒヨス(HVS)、ジャガイモ(PVS)のベティスピラディンシンターゼの推定アミノ酸配列を比較した。同じVSであるHVSと、PVS3またはPVS4の間においてvetipiradine specific domainでは、90%以上のIdentityが確認された(図9)。一方、PVS3とPEASの間では80%以下であった。また、基質結合部位の存在するaristolochene specific domainにおいては、PVSとTEAS、またはPVSとPEASの間では、Identityが78%~89%であるのに対し、PVSとHVSの間では、98%以上という高いIdentityが確認できた。さらに、葉組織で発現するセスキテルペンシクラーゼは6つのイントロンに分断される7つのエクソンから成るのに対し、ジャガイモ塊茎組織で発現

するPVS1およびPVS4は5つのイントロンに分断される6つのエクソンから成ることが明らかになった(図9)。

【0055】

＜実施例7＞ プロトプラストを用いたトランジェントアッセイによるPVS3プロモータのHWC応答性

ルシフェラーゼの上流にPVS3推定プロモータ領域を連結して作製したpGL3ベクターをエレクトロポレーションでプロトプラストで導入し、HWCに対する応答性を調べた(図10)。水処理区に比べ、HWC処理区では有意に高いルシフェラーゼ活性が認められ、本実験に用いた翻訳開始コドン上流の2,648 bpの領域がエリクターに応答することが明らかになった。

【0056】

＜実施例8＞ 形質転換植物におけるPVS3遺伝子の発現動向

詳細にPVS3の発現動向を調べるために、GUS遺伝子の上流にPVS3推定プロモータ領域を連結して作製したバイナリーベクター(図11)をジャガイモ疫病菌に対する真正抵抗性遺伝子を持たないメークインに導入した形質転換体を作出した。傷害に対するPVS3遺伝子の応答を調べる目的で、形質転換ジャガイモ葉組織の一部を切除して経時的にGUS染色した(図12)。その結果、切除部位は48時間後においてもGUS染色されなかった。したがって、本プロモータは傷害に応答しないことが示された。

【0057】

疫病菌に対する応答を調べる目的で、疫病菌親和性レースを接種して顕微鏡観察したところ、6時間以内にGUS染色が侵入細胞で確認された(図13)。さらに、接種48時間後になると接種葉全体に強い発現が認められた。これらのことは、本プロモータが疫病菌親和性レースの感染に応答することを示している。

【0058】

本プロモータが恒常的に発現する器官の存在を調べるために、形質転換ジャガイモ植物全体をGUSで染色した(図14)。GUS染色のポジティブコントロールとして用いた疫病菌接種葉組織を除いて、成長点や根などの部位において染色は認められなかった。この結果は、本プロモータが病原菌特異的に応答することを示唆

している。

【0059】

本プロモーターがいずれの病害シグナルに応答するかを調べるために、葉組織を各種エリシターで処理してGUS染色した(図15、16、17、18)。ジャガイモ疫病菌の膜の構成脂肪酸であるアラキドン酸で処理した場合、24時間以降になるとGUSでの染色が確認された(図15)。一方、活性酸素種の一つである過酸化水素処理や、過酸化水素を生成するグルコース・グルコース酸化酵素処理、または、全身獲得抵抗性に関与しているサリチル酸のいずれで処理してもGUS染色は認められなかった(図16、17、18)。

【0060】

トマト葉かび病菌 *Cladosporium fulvum* の特異的エリシターであるAvr9に対応するトマト品種の抵抗性遺伝子産物Cf-9が応答すると、情報伝達機構が始動し、過敏反応が誘導されることがよく知られている(非特許文献41を参照)。Cf-9/Avr9をアグロバクテリウムを介して一過的に葉組織に発現させたところ、GUSで染色された(図19)。さらに、これら抵抗性遺伝子の下流に存在し、種々の防御反応を司ることが知られているsalicylic acid-induced protein kinase(SIPK)および wound-induced protein kinase(WIPK)をリン酸化して活性化する恒常的活性変異酵素StMEK^{DD}(配列番号7、8)を同様に発現させた結果、GUS活性が認められた(図19)。一方、コントロールに用いたインサートを持たないバイナリーベクターを含むアグロバクテリウムを接種した葉組織ではGUS染色は認められなかった。

【0061】

リシチン合成において重要な役割を果たすHMG-CoA reductase(HMGR)遺伝子は多重遺伝子族を形成している(図1)。HMG1は傷害に応答してステロイドグリコアルカロイド生産に貢献し、一方、HMG2およびHMG3は病害シグナルにより誘導され、リシチン合成に貢献することが知られている(非特許文献9を参照)。ジャガイモ植物におけるPVS遺伝子も同様に多重遺伝子族を形成し、PVS1~4のメンバーが存在することが報告されている(非特許文献53を参照)。本研究では、ジャガイモ塊茎組織および葉組織におけるPVS1~4各メンバーの発現動向を調べるため

、各メンバー特異的なプライマーを用いてRT-PCRを行った。疫病菌の親和性および非親和性レース接種を施したジャガイモ塊茎ディスクより抽出した全RNAを鋳型としてRT-PCRを行った(図3)。いずれのレースを接種した場合においても、PV S1~4全てのメンバーのバンドが推定されるサイズに検出された。これらの結果は、少なくとも塊茎組織においてはPVSのメンバーは刺激に応答した代謝変動に対して異なった役割を持たない可能性を示すものと思われる。

【0062】

PVS mRNAの蓄積動向がジャガイモ塊茎組織におけるPVSタンパク質合成に反映されているのか調べるため、抗ジャガイモPVS抗体を作製し、ウエスタン解析を行った(図4)。非親和性レース、および親和性レース接種により接種後6時間から24時間においてPVSタンパク質の蓄積が認められた。ジャガイモ塊茎組織より抽出した全RNAを用いてノーザン解析した結果、非親和性レースおよび親和性レース接種区ではPVS mRNAが接種後6-9時間をピークに一過的に蓄積することが報告されている(図2、非特許文献53)。PVS mRNAの蓄積動向を考慮すると、PVSタンパク質の半減期は長いものと思われる。また、非親和性レースおよび親和性レース接種を施したジャガイモ塊茎組織より調製した可溶性画分において、PVS酵素活性がいずれの場合においても増加することが報告されている(非特許文献54を参照)。この報告は、非親和性レース接種によってのみファイトアレキシンが蓄積するとした報告と矛盾する(非特許文献40を参照)。ジャガイモにおけるファイトアレキシン生合成においては、3-Hydroxy-3-methylglutaryl CoA (HMG-CoA) からメバロン酸を生合成する酵素であるHMGR とファルネシル二リン酸からベティスピラディンを生合成するPVSの二つが重要な役割を果たすと考えられている(非特許文献29、54、及び9を参照)(図1)。HMGR活性が非親和性レース接種区においてのみ著しく増加し、親和性レース接種区では時間経過とともに減少することが報告されている(非特許文献52を参照)。HMGRの活性動向を考慮すると、ジャガイモ品種-疫病菌レース間の特異的なファイトアレキシン合成制御はメバロン酸の供給が鍵を握るものと考えられる。この可能性を確かめるために、親和性レースを接種した塊茎組織にPVSの基質であるファルネシル二リン酸を外部から供与することで、ファイトアレキシンであるルビミンおよびリ

シチンが蓄積するか否かを調べる必要があるものと思われる。

【0063】

ジャガイモ疫病菌の実際の第一感染組織は葉組織である。本研究では、疫病菌接種によりPVS1～4いずれのメンバーが発現しているのかを調べるために、親和性、非親和性レース接種および水処理後経時的に葉組織から抽出した全RNAを鋳型としてRT-PCRを行った(図5)。親和性、非親和性レース接種区双方において、PVS3のみが顕著に誘導されることが確認された。一般に、ジャガイモ葉組織において、リシチンは蓄積しないものとして知られている(非特許文献34を参照)。しかしながら、一過的に葉組織においてもリシチンが合成されたとした観察例がある(非特許文献26を参照)。防御応答における葉組織でのリシチンの役割は現在のところ明らかではないが、親和性レース接種によりPVS3が誘導されることは、本プロモータを利用した病害耐性作物の作出を可能なものとした。そこで、PVS3プロモータ配列を得るために、ゲノムクローンを単離した。スクリーニングの結果、PVS1、PVS3およびPVS4が得られた(図6、7、8、9)。今回単離されたPVS3ゲノムクローンおよび既に単離されているPVS3 cDNAとを比較したところ、全ての推定されるアミノ酸配列が一致した。エクソン領域における制限酵素サイトは一致しており、それぞれ対応していた(図8)。

【0064】

タバコおよびトウガラシのファイトアレキシンであるカプシジオールとヒヨスおよびジャガイモの生産するリシチンは双方とも類似した生合成経路で合成される(非特許文献4、及び29を参照)(図1)。前者の合成に関与するセスキテルペンシクラーゼは5-エピ-アリストロキンシンターゼ(EAS)であり、タバコ(TEAS)とトウガラシ(PEAS)のEASはアミノ酸レベルで極めて類似している(非特許文献53を参照)。Back and Chappellは、TEASとヒヨスのHVS cDNAを用いて様々なキメラ遺伝子を構築し、大腸菌内でキメラ遺伝子からタンパク質を合成した(非特許文献4を参照)。菌体可溶画分にEASおよびVSの基質であるファルネシル二リン酸を加え、5-エピ-アリストロキンまたはベティスピラディンの生産の割合を定量することで、両酵素の活性を司る領域を推定した。彼らの報告に従い、各エクソンで規定される活性ドメインの推定アミノ酸配列を比較したところ、vetipira

dine specific domainでは、ヒヨスのHVSとPVS4またはPVS3の間において90%以上のIdentityが確認された。また、基質結合部位の存在するaristolochene specific domainにおいてはPVSとTEASまたはPEASの間では、Identityが78%~89%であるのに対し、PVSとHVSの間では、98%以上の高いIdentityが認められた(図9)。この結果は、Back and Chappellが提唱した説(非特許文献4を参照)を支持するものである。さらに、PVS1およびPVS4は5つのイントロンに分断される6つのエクソンから成るのに対し、葉組織で発現するPVS3や他のセスキテルペンシクラーゼは6つのイントロンに分断される7つのエクソンから成ることが明らかになった(図9)。宮田(1984)は、ミトコンドリアゲノムにおいて効率よく複製を行うために機能を持たない場合のイントロンは除去され、進化の過程でDNAが縮小化すると推定した。彼の説に従うと、塊茎で発現するPVS1およびPVS4の第5イントロンは、進化の過程でイントロンが除去され縮小化したものとも考えることもできるであろう。

【0065】

プロモータを利用した病害耐性植物の作出を考えると、PVS3プロモータ領域の解析・同定をすることが必要であると思われる。本実施例では、PVS3の推定プロモータの下流にGUS遺伝子を連結し、形質転換ジャガイモ植物を作出して本プロモータの応答性について詳細に調べた。興味深いことに、本プロモータは傷害には応答しなかっただけではなく(図12)、成長点や根などの部位において染色は認められなかった(図14)。タバコ植物のセスキテルペンシクラーゼであるTEASのプロモータの下流に同様にGUSを連結した形質転換タバコ植物が作出され、その発現動向について報告されている(非特許文献51を参照)。彼らは、低レベルではあるが、傷害に応答し、さらに、根や茎においてもGUS活性が認められたと報告している。この報告に従うと、ジャガイモ葉組織におけるPVS3プロモータとタバコ葉組織におけるTEASプロモータの応答様式は異なっているものと思われる。タバコ葉においては、病原菌の攻撃やエリシター処理に応答してファイトアレキシンであるカプシジオールが高濃度に蓄積する。一方、ジャガイモ葉組織におけるリシチン蓄積は認められず、PVS3 mRNA蓄積はRT-PCRで検出される程度の低レベルなものであった(図5)。この結果を考慮すると、PVS3プロモータの特異

的応答性は発現レベルの低さに起因するかもしれない。

【 0 0 6 6 】

最近になって、HMGR遺伝子発現がmitogen-activated protein(MAP)キナーゼの一種であるSIPKにより制御されることが報告された(非特許文献33を参照)。本研究においても、SIPK および WIPKをリン酸化して活性化する恒常的活性変異酵素StMEK^{DD}(非特許文献50を参照)を同様に発現させた結果、GUS活性が認められた(図19)。さらに、トマト葉かび病菌 *Cladosporium fulvum*の特異的エリシターであるAvr9およびトマト品種の抵抗性遺伝子産物Cf-9をアグロバクテリウムを介して一過的に葉組織に発現させたところ、GUSが染色された(図19)。Rom eis et al. は、Cf-9を形質転換したタバコ植物および培養細胞をAvr9で処理すると、SIPK および WIPKが活性化されることを報告した(非特許文献35を参照)。これらの結果より、PVS3プロモータもHMGR遺伝子同様にSIPKにより制御されるものと思われる。この考えは、HWCやアラキドン酸でジャガイモ塊茎組織を処理すると、SIPKに相当するMAPキナーゼが活性化されることから支持されるであろう(非特許文献20を参照)。これらの想定される情報伝達経路を 図20に示した。

【 0 0 6 7 】

この発明は、上記発明の実施の形態及び実施例の説明に何ら限定されるものではない。特許請求の範囲の記載を逸脱せず、当業者が容易に想到できる範囲で種々の変形態様もこの発明に含まれる。

【 0 0 6 8 】

【発明の効果】

本発明によれば、病原菌の感染によって誘導されるプロモータが提供される。本発明のプロモータを利用して遺伝子導入を行えば、形質転換植物内で所望の遺伝子を病原菌の感染時において特異的に発現させることが可能となる。従って、例えば防御応答に関与する遺伝子を用いることにより、病原菌の感染時において迅速な防御応答が行われる、病原菌耐性植物の作出が可能となる。

【 0 0 6 9 】

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> NAGOYA INDUSTRIAL SCIENCE RESEARCH INSTITUTE

<120> Pathogen-responsive promotor

<130> P02064

<140>

<141>

<160> 21

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 2648

<212> DNA

<213> Solanum tuberosum

<400> 1

ctcttctggt gatgtgctat agtcttttat atagcgctct attcatgttg taatttggcc 60
tctacttta tttttttcaa cctaaaccaa cgtacaataa tgtgtaatga tactaatttg 120
actcacataa tagcatgggt ctagaagagt cacttgaaag agtatactga agagtattaa 180
aatataatt ctaaagaatt tcgaagattc aattataatt gatcaagaag gtgataagag 240
ccttcnaca caacgtaaag tttgggtagc ctctatanat gactatgaaa atagccaaaa 300
aaaaattcaa attcgaattc ttgtaatcct tatttaggat tattgcgacc atcacttggt 360
gggtgccttac ttgactaaat atttgattaa acattaattt ttggtcagt gatatacatg 420
ccactcaatt ttaaataaat tagtgatccc ttacgatctt aaaaaaattg tatttttggt 480
tgtaatgtca actttgggtc aaatgtctaa tataataagt attaattcca acagtattag 540
aattttattt ctaagatcac tcttacgggtc ttaccactga aagattaaaa ttctaaccaa 600
gaatttgaac tttaaatagt acttatgaat ttacttgcc gtttgaattt tatgtacatg 660
cttagaataa ttaggtcctc atgtagtcaa cttaagaaa attacaatgt tacgttctaa 720
caagaacaaa tttgactcta gatttttaat tttttttttt taataaaaaa ctaataactc 780
atccgattca atttgtttga aactatgttc caattattaa tccgtttcaa aaacaatggt 840
acattcagat atttaaaatc aattaactta aatttctcat catcagtaag aagttttaat 900
aatcacatga aggaaagcct gtttggagaa agttatgcgt aaaatattgc atatatctct 960

tccattgaat tagttacatc tggatttgca taaaatcaac atttagtaaa atacgatggc 1020
 ttagatgatt gaactttgaa caggaaaaat aagcgtgcaa ataagccatc aatcttgaac 1080
 tttagaaata tatatatata attcaataag ttactttatt ggaatagcta tagtgacggc 1140
 ggatttagaa ttttcattaa agggactcta aaaaaatata gtgcctaaga tttgaacttg 1200
 aaactcaaga tgccactaaa caacctctaa tcttacattc agaaggttca aatcaatat 1260
 atatagacat aattttttaa atttttttta acctccctcg actacctcta ggtccgccc 1320
 tactattccc atccgatctc ttgggaagcg ggggagaaaa ttttataata gtgcactcat 1380
 gctataatta catactaaga ttttatgtaa tgctatatit tttcaagttg aagacggaaa 1440
 caatagcatt ggatcaagac agacgccatt gaaggaagaa aaaacctaaa aaaataaaca 1500
 aaaggagaga cactttcttg gtcccttcga ggccatatat cccattaata taaaaatata 1560
 aaacaaaaaa aaagacagac ggtcgcccac ggaaagaagg cggacgtcac taacggctaa 1620
 ccctaactac aaataatgta attttccaaa aacggaacta taaggaataa aaaacatgaa 1680
 gattattgag tattattaat ttttaaaaga cagacgccac tcgaggaaat aaggaatcac 1740
 aaggagtaaa gaaagaaatt aaaggcacgt tacagtatca tataatataa atttaagttt 1800
 gggtgcattg aagttatata gtttttaaaa aaaaataaaa ttgtccaaca atacttgtcc 1860
 aatttagaaa atctaaaaga taatttatta ttttgtgttt gttttacctc aacatcta 1920
 acatttctca aattattaaa tttaatatat tcaaaaggta atatagtaat attactctta 1980
 ttattttattt attgtttctt aagatttggt cagggtcaata ataaataact atcggttgaat 2040
 taaggagta ccatcaaaga aattgattta taacacgatg cgggtggagg gagctagaaa 2100
 gttagtacaa atttggttgc actaagtact tcatccgtct caatttatga gattttgttt 2160
 gattcgagac gaaatttaat aaagatgatt tttttaaggt tgtaatctaa aacaagtc 2220
 aaatatttgc atcactataa taatctcatt aaatgtaa ataatatttt agctaaatta 2280
 ttactactcc ctccatgtcc atattagttg atcatcttac tatatattaa ctgtccacct 2340
 tactcaatta ataaaatatt aattaaagtt tttctatact agatataaaa atgttattat 2400
 tatttttgat aaagactaga aagagtatac tatttgata tctacagtgg gacgaccagt 2460
 taagtatatt gtagtcaaag taaggcaacc ggatggactg catgcagcac aaaggctctc 2520
 accactataa atactcaata ttccttctct ttcatttcca tcaacacctt caccaactaa 2580
 caaattaaaa gaaagaaaaa aaaatctctc agtttctca caagctaatt agaccggttt 2640
 ccgaagaa 2648

<210> 2

<211> 2000

<212> DNA

<213> Solanum tuberosum

<400> 2

tttatgtaca tgcttagaat aattaggtcc tcatgtagtc aactttaaga aaattacaat 60
gttacgttct aacaagaaca aatttgactc tagattttta attttttttt tttaaaaaaa 120
aactaaatac tcatccgatt caatttgttt gaaactatgt tccaattatt aatccgtttc 180
aaaaacaatg ttacattcag atatttaaaa tcaattaact taaatttctc atcatcagta 240
agaagtttta ataatcacat gaaggaaagc ctgtttggag aaagttatgc gtaaaatatt 300
gcatatatct ctccattga attagttaca tctggatttg cataaaatca acatttagta 360
aaatacgatg gcttagatga ttgaactttg aacaggaaaa ataagcgtgc aaataagcca 420
tcaatcttga actttagaaa tatatatata taattcaata agttacttta ttggaatagc 480
tatagtgacg gcggatttag aattttcatt aaagggactc taaaaaaata tagtgcctaa 540
gatttgaact tgaaactcaa gatgccacta aacaacctct aatcttacat tcagaagggt 600
caaatcaat atatatagac ataatttttt aaattttttt taacctccct cgactacctc 660
taggtccgcc ctactattc ccatccgac tcttgggaag cgggggagaa aattttataa 720
tagtgcactc atgctataat tacatactaa gattttatgt aatgctatat tttttcaagt 780
tgaagacgga aacaatagca ttggatcaag acagacgcca ttgaaggaag aaaaaaccta 840
aaaaaataaa caaaaggaga gacactttct tggtccttc gaggccatat atcccattaa 900
tataaaaata taaaacaaaa aaaaagacag acggtcgccc aaggaaagaa ggcgacgctc 960
actaacggct aaccctaact acaaataatg taattttcca aaaacggaac tataaggaat 1020
aaaaaacatg aagattattg agtattatta atttttaaaa gacagacgcc actcgaggaa 1080
ataaggaatc acaaggagta aagaaagaaa ttaaaggcac gttacagtat catataatat 1140
aaatttaagt ttggttgcac tgaagttata tagtttttaa aaaaaataa aattgtccaa 1200
caatacttgt ccaatttaga aaatctaaaa gataatttat tattttgtgt ttgttttacc 1260
tcaacatcta atacatttct caaattatta aatttaatat attcaaaagg taatatagta 1320
atattactct tattatttat ttattgttcc ttaagatttg tgcaggtcaa taataaataa 1380

ctatcgttga attaagggag taccatcaaa gaaattgatt tataacacga tgcgggtgga 1440
 gggagctaga aagtttagtac aaatttgggt gcactaagta cttcatccgt ctcaatttat 1500
 gagattttgt ttgattcgag acgaaattta ataaagatga tttttttaaa gttgtaatct 1560
 aaaacaagtc ataaatattt gcatcactat aataatctca ttaaagttaa atgaatattt 1620
 ttagctaaat tattactact ccctccatgt ccatattagt tgatcatctt actatatatt 1680
 aactgtccac ctactcaat taataaaaata ttaattaaag tttttctata ctagatataa 1740
 aaatgttatt attatttttg ataaagacta gaaagagtat actatttgta tatctacagt 1800
 gggacgacca gttaagtata ttgtagtcaa agtaaggcaa ccgatggac tgcatgcagc 1860
 acaaaggctc tcaccactat aaatactcaa taticcttct ctttcatttc catcaacacc 1920
 ttcaccaact aacaaattaa aagaaagaaa aaaaaatctc tcagtttcct cacaagctaa 1980
 ttagaccgtt ttccgaagaa 2000

<210> 3

<211> 1500

<212> DNA

<213> Solanum tuberosum

<400> 3

aattttcatt aaagggactc taaaaaata tagtgcctaa gatttgaact tgaaactcaa 60
 gatgccacta aacaacctct aatcttacat tcagaagggt caaatcaat atatatagac 120
 ataatttttt aaattttttt taacctcct cgactacctc taggtccgcc ctactattc 180
 ccatccgatc tcttggaag cgggggagaa aattttataa tagtgactc atgctataat 240
 tacatactaa gattttatgt aatgctatat tttttcaagt tgaagacgga acaatagca 300
 ttggatcaag acagacgcca ttgaaggaag aaaaaaccta aaaaaataaa caaaggaga 360
 gacactttct tgggtcccttc gaggccatat atcccatata tataaaaata taaaacaaaa 420
 aaaaagacag acggtcgccc aaggaaagaa ggcgacgct actaacggct aaccctaact 480
 acaataatg taattttcca aaaacggaac tataaggaat aaaaaacatg aagattattg 540
 agtattatta atttttaaaa gacagacgcc actcgaggaa ataaggaatc acaaggagta 600
 aagaaagaaa ttaaaggcac gttacagtat catataatat aaatttaagt ttggttgcac 660
 tgaagttata tagtttttaa aaaaaataa aattgtccaa caatacttgt ccaatttaga 720

aaatctaaaa gataatttat tattttgtgt ttgttttacc tcaacatcta atacatttct 780
caaattatta aatttaatat attcaaaagg taatatagta atattactct tattatttat 840
ttattgtttc ttaagatttg tgcaggtcaa taataaataa ctatcgttga attaaggag 900
taccatcaaa gaaattgatt tataacacga tgcgggtgga gggagctaga aagttagtag 960
aaatttggtt gcactaagta cttcatccgt ctcaatttat gagattttgt ttgattcgag 1020
acgaaattta ataaagatga tttttttaa gttgtaatct aaaacaagtc ataaatattt 1080
gcatcactat aataatctca ttaaagttaa atgaatattt ttagctaaat tattactact 1140
ccctccatgt ccatattagt tgatcatctt actatatatt aactgtccac cttactcaat 1200
taataaaata ttaattaaag tttttctata ctagatataa aaatgttatt attatttttg 1260
ataaagacta gaaagagtat actatttgta tatctacagt gggacgacca gttaagtata 1320
ttgtagtcaa agtaaggcaa ccggatggac tgcatgcagc acaaaggctc tcaccactat 1380
aaatactcaa taticcttct ctttcatttc catcaacacc ttcaccaact aacaaattaa 1440
aagaaagaaa aaaaaatctc tcagtttctt cacaagctaa ttagaccctt ttccgaagaa 1500

<210> 4

<211> 1000

<212> DNA

<213> Solanum tuberosum

<400> 4

aaaacggaac tataaggaat aaaaaacatg aagattattg agtattatta atttttaaaa 60
gacagacgcc actcgaggaa ataaggaatc acaaggagta aagaaagaaa ttaaaggcac 120
gttacagtat catataatat aaatttaagt ttggttgcat tgaagttata tagtttttaa 180
aaaaaaataa aattgtccaa caatacttgt ccaatttaga aaatctaaaa gataatttat 240
tattttgtgt ttgttttacc tcaacatcta atacatttct caaattatta aatttaatat 300
attcaaaagg taatatagta atattactct tattatttat ttattgtttc ttaagatttg 360
tgcaggtcaa taataaataa ctatcgttga attaaggag taccatcaaa gaaattgatt 420
tataacacga tgcgggtgga gggagctaga aagttagtag aaatttggtt gcactaagta 480
cttcatccgt ctcaatttat gagattttgt ttgattcgag acgaaattta ataaagatga 540
ttttttttaa gttgtaatct aaaacaagtc ataaatattt gcatcactat aataatctca 600

ttaaagttaa atgaatat ttagctaaat tattactact ccctccatgt ccatattagt 660
 tgatcatctt actatatatt aactgtccac ctactcaat taataaaata ttaattaaag 720
 tttttctata ctgatataa aaatgttatt attatttttg ataaagacta gaaagagtat 780
 actatttgta tatctacagt gggacgacca gttaagtata ttgtagtcaa agtaaggcaa 840
 ccggatggac tgcattgcgc acaaaggctc tcaccactat aaatactcaa tttccttct 900
 ctttcatttc catcaacacc ttcaccaact aacaaattaa aagaaagaaa aaaaaatctc 960
 tcagtttctt cacaagctaa ttagaccctg ttccgaagaa 1000

<210> 5

<211> 1125

<212> DNA

<213> Solanum tuberosum

<400> 5

atgcgacctc ttcaaccacc cccaccagct gccaaactcca cctcctccgc cgccgcatca 60
 tccatgcctc ctccctcttc cgccggacaa cgcagtcgtc cccggcgctg tactgatttg 120
 acccttcttc ttctcaacg tgacgttgct cttgctgttc ctctccccct tctccaacc 180
 tccgtctctt cctcttctc atctctatct tctcctccgc ttctacccc tttacatttc 240
 tctgagctcg agagggttaa tcgcatcggt agtggcaccg gaggtactgt ttacaagggt 300
 ctacatcgtc cactggcag actctatgct ttgaaagtta tctatggtaa ccatgaggat 360
 tctgtccgtc tccagatgtg ccgtgagatc gagattctcc gagatgtaga caaccctaac 420
 gtcgttaggt gtcacgatat gticgatcac aacggcgaaa tccaagtctt tcttgagttc 480
 atggataaag gctctctcga agggatccat atccctctcg aacaacctct ctccgatcta 540
 actcgacagg ttctctccgg cctctactac ctccacaggc gtaagattgt tcacagagat 600
 atcaaacctt ctaacctctt aatcaactcc aggcgtgagg tcaagattgc agattttggg 660
 gtctccagag ttctcgaca aactatggat ccttgcaatt cctccgtggg taccatcgct 720
 tacatgagtc ccgagagaat caacacagat ctgaatcacg gacagtacga cggatatgct 780
 ggggacatat ggagtcttgg ggtgagcatc ttagagttct acttggaag gttcccttc 840
 tctgtgggga gacaaggaga ctgggccagc cttatgtgcg ccatttgtat gtcgcagcct 900
 cctgaggcac caccactgc ttccaggag ttagggagt tcattgcctg ctgtttgcag 960

agggatcctg ctaggcgggtg gacggccgcg cagctcttgc gccatccctt catcaccacag 1020
aatagcccag gcacccacac cggtcctgct actacctcat tgagtaatca ggcacatcaa 1080
ttgttacctc cacctcctca tttttcttct tctttcttct cttga 1125

<210> 6

<211> 374

<212> PRT

<213> Solanum tuberosum

<400> 6

Met Arg Pro Leu Gln Pro Pro Pro Pro Ala Ala Asn Ser Thr Ser Ser

1 5 10 15

Ala Ala Ala Ser Ser Met Pro Pro Pro Ser Ser Ala Gly Gln Arg Ser

20 25 30

Arg Pro Arg Arg Arg Thr Asp Leu Thr Leu Pro Leu Pro Gln Arg Asp

35 40 45

Val Ala Leu Ala Val Pro Leu Pro Leu Pro Pro Thr Ser Ala Pro Ser

50 55 60

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Pro Leu Pro Thr Pro Leu His Phe

65 70 75 80

Ser Glu Leu Glu Arg Val Asn Arg Ile Gly Ser Gly Thr Gly Gly Thr

85 90 95

Val Tyr Lys Val Leu His Arg Pro Thr Gly Arg Leu Tyr Ala Leu Lys

100 105 110

Val Ile Tyr Gly Asn His Glu Asp Ser Val Arg Leu Gln Met Cys Arg

115 120 125

Glu Ile Glu Ile Leu Arg Asp Val Asp Asn Pro Asn Val Val Arg Cys

130 135 140

His Asp Met Phe Asp His Asn Gly Glu Ile Gln Val Leu Leu Glu Phe

145 150 155 160

Met Asp Lys Gly Ser Leu Glu Gly Ile His Ile Pro Leu Glu Gln Pro
165 170 175

Leu Ser Asp Leu Thr Arg Gln Val Leu Ser Gly Leu Tyr Tyr Leu His
180 185 190

Arg Arg Lys Ile Val His Arg Asp Ile Lys Pro Ser Asn Leu Leu Ile
195 200 205

Asn Ser Arg Arg Glu Val Lys Ile Ala Asp Phe Gly Val Ser Arg Val
210 215 220

Leu Ala Gln Thr Met Asp Pro Cys Asn Ser Ser Val Gly Thr Ile Ala
225 230 235 240

Tyr Met Ser Pro Glu Arg Ile Asn Thr Asp Leu Asn His Gly Gln Tyr
245 250 255

Asp Gly Tyr Ala Gly Asp Ile Trp Ser Leu Gly Val Ser Ile Leu Glu
260 265 270

Phe Tyr Leu Gly Arg Phe Pro Phe Ser Val Gly Arg Gln Gly Asp Trp
275 280 285

Ala Ser Leu Met Cys Ala Ile Cys Met Ser Gln Pro Pro Glu Ala Pro
290 295 300

Pro Thr Ala Ser Arg Glu Phe Arg Glu Phe Ile Ala Cys Cys Leu Gln
305 310 315 320

Arg Asp Pro Ala Arg Arg Trp Thr Ala Ala Gln Leu Leu Arg His Pro
325 330 335

Phe Ile Thr Gln Asn Ser Pro Gly Thr His Thr Gly Pro Ala Thr Thr
340 345 350

Ser Leu Ser Asn Gln Ala His Gln Leu Leu Pro Pro Pro Pro His Phe
355 360 365

Ser Ser Ser Ser Ser Ser
370

<210> 7

<211> 1125

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:mutant MEK gene

<400> 7

atgcgacctc ttcaaccacc cccaccagct gccaaactcca cctcctccgc cgccgcatca 60
tccatgcctc ctccctcttc cgccggacaa cgcagtcgtc cccggcgtcg tactgatttg 120
acccttcctc ttctcaacg tgacgttgct cttgctgttc ctctccccct tcctccaacc 180
tccgctcctt cctcttcctc atcctcatct tctctcccgc ttctacccc ttacatttc 240
tctgagctcg agagggttaa tcgcatcggc agtggcaccg gaggtactgt ttacaagggt 300
ctacatcgtc cactggcag actctatgct ttgaaagtta tctatggtaa ccatgaggat 360
tctgtccgtc tccagatgtg ccgtgagatc gagattctcc gagatgtaga caaccctaac 420
gtcgttaggt gtcacgatat gttcgatcac aacggcgaaa tccaagttct tcttgagttc 480
atggataaag gctctctcga agggatccat atccctctcg aacaacctct ctccgatcta 540
actcgacagg ttctctccgg cctctactac ctccacaggc gtaagattgt tcacagagat 600
atcaaacctt ctaacctctt aatcaactcc aggcgtgagg tcaagattgc agattttggg 660
gtctccagag ttctcgcaca agatatggat ccttgcaatg actccgtggg taccatcgct 720
tacatgagtc ccgagagaat caacacagat ctgaatcacg gacagtacga cggatatgct 780
ggggacatat ggagtcttgg ggtgagcatc ttagagttct acttgggaag gttccccttc 840
tctgtgggga gacaaggaga ctgggccagc cttatgtgcg ccatttgtat gtcgcagcct 900
cctgaggcac caccactgc ttccaggag tttagggagt tcattgcctg ctgtttgcag 960
agggatcctg ctaggcgggtg gacggccgcg cagctcttgc gccatccctt catcaccag 1020
aatagcccag gcaccacac cggtcctgct actacctcat tgagtaatca ggcacatcaa 1080
ttgttacctc cacctcctca ttttcttct tcttcttctt cttga 1125

<210> 8

<211> 374

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:mutant MEK

<400> 8

Met Arg Pro Leu Gln Pro Pro Pro Pro Ala Ala Asn Ser Thr Ser Ser

1 5 10 15

Ala Ala Ala Ser Ser Met Pro Pro Pro Ser Ser Ala Gly Gln Arg Ser

20 25 30

Arg Pro Arg Arg Arg Thr Asp Leu Thr Leu Pro Leu Pro Gln Arg Asp

35 40 45

Val Ala Leu Ala Val Pro Leu Pro Leu Pro Pro Thr Ser Ala Pro Ser

50 55 60

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Pro Leu Pro Thr Pro Leu His Phe

65 70 75 80

Ser Glu Leu Glu Arg Val Asn Arg Ile Gly Ser Gly Thr Gly Gly Thr

85 90 95

Val Tyr Lys Val Leu His Arg Pro Thr Gly Arg Leu Tyr Ala Leu Lys

100 105 110

Val Ile Tyr Gly Asn His Glu Asp Ser Val Arg Leu Gln Met Cys Arg

115 120 125

Glu Ile Glu Ile Leu Arg Asp Val Asp Asn Pro Asn Val Val Arg Cys

130 135 140

His Asp Met Phe Asp His Asn Gly Glu Ile Gln Val Leu Leu Glu Phe

145 150 155 160

Met Asp Lys Gly Ser Leu Glu Gly Ile His Ile Pro Leu Glu Gln Pro

165 170 175

Leu Ser Asp Leu Thr Arg Gln Val Leu Ser Gly Leu Tyr Tyr Leu His

180 185 190

Arg Arg Lys Ile Val His Arg Asp Ile Lys Pro Ser Asn Leu Leu Ile
195 200 205

Asn Ser Arg Arg Glu Val Lys Ile Ala Asp Phe Gly Val Ser Arg Val
210 215 220

Leu Ala Gln Asp Met Asp Pro Cys Asn Asp Ser Val Gly Thr Ile Ala
225 230 235 240

Tyr Met Ser Pro Glu Arg Ile Asn Thr Asp Leu Asn His Gly Gln Tyr
245 250 255

Asp Gly Tyr Ala Gly Asp Ile Trp Ser Leu Gly Val Ser Ile Leu Glu
260 265 270

Phe Tyr Leu Gly Arg Phe Pro Phe Ser Val Gly Arg Gln Gly Asp Trp
275 280 285

Ala Ser Leu Met Cys Ala Ile Cys Met Ser Gln Pro Pro Glu Ala Pro
290 295 300

Pro Thr Ala Ser Arg Glu Phe Arg Glu Phe Ile Ala Cys Cys Leu Gln
305 310 315 320

Arg Asp Pro Ala Arg Arg Trp Thr Ala Ala Gln Leu Leu Arg His Pro
325 330 335

Phe Ile Thr Gln Asn Ser Pro Gly Thr His Thr Gly Pro Ala Thr Thr
340 345 350

Ser Leu Ser Asn Gln Ala His Gln Leu Leu Pro Pro Pro Pro His Phe
355 360 365

Ser Ser Ser Ser Ser Ser
370

<210> 9

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:primer for
RT-PCR

<400> 9

aggagattgt tcgccccata 20

<210> 10

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:primer for
RT-PCR

<400> 10

tctccatgag tccttacatg 20

<210> 11

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:primer for
RT-PCR

<400> 11

catcgattgt ttgtacatc tg 22

<210> 12

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:primer for
RT-PCR

<400> 12

aataatgata caaaaaaaaa ttaagg 26

<210> 13

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:primer for
RT-PCR

<400> 13

tatcaattca ccaaggaaca ct 22

<210> 14

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:primer for
RT-PCR

<400> 14

gaagtaatta aatttaaata ttatcaa 27

<210> 15

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:primer for
RT-PCR

<400> 15

ttgtctgctg ctgcttgtgg 20

<210> 16

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:primer for
RT-PCR

<400> 16

tctccatgag tccttacatg 20

<210> 17

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:primer for
RT-PCR

<400> 17

aggacattgt tcgacctgtt 20

<210> 18

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:primer for
RT-PCR

<400> 18

tctccatgag tccttacatg 20

<210> 19

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:primer for
RT-PCR

<400> 19

catcccttaa aattataagt attc 24

<210> 20

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:primer for
RT-PCR

<400> 20

aataatgata caaaataaat taagg 25

<210> 21

<211> 2231

<212> DNA

<213> *Solanum tuberosum*

<400> 21

atggccctag ctatcccctt taacaatgaa gaggagattg ttcgccctgt tgccaatttc 60
 tctccaagtc tttgggggtga tctgttccat tcattctctc tcgacaatca ggtaattact 120
 taattaatta ctaattaaat ccttctctat cgcttatatt tggttaatta ctactaatcc 180
 caatcatgaa cattttacag gttgctgaaa agtatgctca agagattgaa actttgaagg 240
 aacaacaag gagtttggtg tctgctgctg cttgtggaat aacattggct gagaaattga 300
 atctgataga cattgttgag cgccttggct tagcttatca ttttgagaaa caaatagatg 360
 atatgttggg tcaaatttac aaagcagatc ccaacttga cgctcatgat ttaaactatt 420
 tatcccttca atttgaata ttaagacaac atggttacia tatctccaa agtaggtcca 480
 tcatttaaaa caattcacca aaataatagc ttttttctg catgaaaact aattatcttt 540
 tgcttttatt cgatcatgat ccagaatttt tcagcagatt ccaagatgag aatggcaagt 600
 tcaaggaatg tcttagcaac gacatcaggg gtctattgaa cttatacgaa gcttcacatg 660
 taaggactca tggagaagat attttagaag aggcacttgt tttctccact gctcatcttg 720
 agtctgcagc tccacatttg gagtcacctc tgagtaagca agtgactcat gcccttgagc 780
 agtctctcca taagagcatt ccaagagtcg agacgcgcta cttcatctcc atctacgaag 840
 aggaggaatt taagaatgat gtgttgcttc gatttgccaa attggattac aacttactcc 900
 agatgttgca caaacacgaa cttagtgaag tatcaaggta tacagatgtg ttaagttgaa 960
 ttaaaaatac tagtataaat tatttggtga tagtaatttc taagattggt acttattttg 1020
 taggtggtgg aaagatttgg attttgtgac aacgcttcca tatgctaggg atagagcagt 1080
 ggaatgttac ttttggacga tgggagtgtg tgctgaacct caatactctc aggctcgtgt 1140
 catccttgca aagactatag caatgatttc gatagtagat gacacattcg atgcttatgg 1200
 aatagtaaaa gaacttgagg tctacaccga tgccatacaa aggtatggac ttgcctctcc 1260
 aacagttcat ggatttatta gacgggaaac ttactaaatc tctttctgtt ttattaggtg 1320
 ggatattagt caaattgatc gactcccaga ataatgaaa gttagtttta aggctctttt 1380
 ggatctctat gaagattatg aaaaggagtt gtcaaaggat ggcagatccg atgttgtcca 1440

ctacgcaaaa gaaagagtag gactcactga tttctattta aaaacacttg tatttacctt 1500
atactatttc tttattatac aattagatct gttatgggag tattgatggg tgaatgtctt 1560
gtggtttctg ttaaacagat gaaggagatt gtgagaaact attttgtaga agcaaagtgg 1620
ttcattgagg gatatatgcc gcctgtttct gagtatctta gcaatgcatt agctaccagc 1680
acatattact tgctaactac aacatcctat ttgggagtga agtcagcaac aaaggaagat 1740
tttgaatggg tggctacgaa ccctaaaatt cttgaagcca atgtgacatt atgccgagtt 1800
gttgatgaca tagcaacgta tgaggtaatt agcatcgcac tacactacat aaatcatctt 1860
ataatttaga gttacagtaa ttttaatacaa attgatttca catacttata aatgaattat 1920
aattgccatt ccaggttgag aagggtaggg gccaaatcgc aacaggaatt gagtgttata 1980
tgagggatta tgacgtatca acagaagtag caatggaaaa attccaagag atggctgaga 2040
tagcatggaa ggatgtaaat gaaggaattc ttcgaccaac acctgtctct acagaaattc 2100
ttactcgcac tctcaatctt gctcgtatta tagatgtcac ttacaagcac aatcaagatg 2160
gatacactca tcccgaaaaa gttctaaaac ctcacatcat tgctttactg gtggactcca 2220
ttgagatcta a 2231

【図面の簡単な説明】

【図 1】 図 1 はジャガイモ塊茎における、刺激応答性イソプレノイドの生合成経路を示す図である。過敏反応中はセスキテルペイドファイトアレキシン合成が活発に行われ、傷害誘導性ステロール及びステロイド・グリコアルカロイド合成は抑制される。

【図 2】 図 2 は疫病菌 (*Phytophthora infestans*) 感染後における、加齢ジャガイモディスク内の PVS (potato vetispiradiene synthase) 遺伝子及び PSS (potato squalene synthase) 遺伝子の発現状態を示す図である。レース 0 (非親和性)、若しくはレース 1、2、3、4 (親和性) の感染 (10^4 遊走子/ディスク)、又は水処理に先立ちジャガイモディスクを 24 時間加齢させた。

【図 3】 図 3 は非親和性疫病菌 (*P. infestans*) 若しくは親和性疫病菌の感染後 (順に Incomp.、Comp.)、又は水処理後 (Mock) の加齢ジャガイモディスクから抽出した全 RNA を使用した RT-PCR の結果を示す図である。PVS1、PVS2、PVS3、及び PVS4 についてそれぞれクローン特異的プライマーを用いて PCR を行った。PVS1、PVS2、PVS3、及び PVS4 についてそれぞれ 469bp、132bp、326bp、及び 469bp の

増幅産物が得られた。

【図 4】 図 4 は非親和性疫病菌 (*P. infestans*) 若しくは親和性疫病菌の感染後 (順に Incomp.、Comp.)、又は水処理後 (Mock) 後の加齢ジャガイモディスクから抽出した全タンパク質を用いたウエスタンブロット解析の結果を示す図である。SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動によって各 $10\mu\text{g}$ の全タンパク質を分離し、PVS に対する抗血清を用いて免疫ブロットを行った。検出には HRP 結合抗マウス抗体及び ECL 検出キットを使用した。

【図 5】 図 5 は水処理後 (Mock)、傷害処理後 (Wound)、又は非親和性疫病菌 (*P. infestans*) 若しくは親和性疫病菌の感染後 (順に Incomp.、Comp.) のジャガイモ葉から抽出した全 RNA を用いた RT-PCR の結果を示す図である。レーン TI：非親和性疫病菌の感染後 6 時間経過させたジャガイモ塊茎から得られた RT-PCR 産物を用いたポジティブコントロール。各メンバー (PVS1、PVS2、PVS3、及び PVS4) に特異的なプライマーを使用した。その結果、176bp、132bp、326bp、及び 131bp の産物がそれぞれ得られた。アガロースゲル電気泳動によって RT-PCR 産物を分離し、ナイロン膜に転写した。転写後の膜に対して ^{32}P ラベルした各 PCR 産物をハイブリダイズさせた。

【図 6】 図 6 は PVS3 ゲノムクローンの塩基配列及び推定アミノ配列を示す図である。尚、図 6 では推定プロモータ領域及びコード領域の一部が示される。アミノ酸配列はそれをコードする塩基の下に表示されている。非コード領域は小文字で表される。終止コドンはアスタリスクで示される。

【図 7】 図 7 は同じく PVS3 ゲノムクローンの塩基配列及び推定アミノ配列を示す図である。尚、図 7 ではコード領域の一部及びそれに続く非翻訳領域が示される。アミノ酸配列はそれをコードする塩基の下に表示されている。非コード領域は小文字で表される。終止コドンはアスタリスクで示される。

【図 8】 図 8 は PVS3 ゲノムクローン及び PVS3cDNA クローンの制限酵素地図及び構造地図を示す図である。コード領域は中抜きボックスで表される。太線はイントロンを表す。垂直バーはイントロン位置に対応する。

【図 9】 図 9 は *Nicotiana tabacum* (TEAS)、*Solanum tuberosum* (PVS)、*Hyoscyamus muticus* (HVS)、及び *Capsium annum* (PEAS) のアミノ酸配列の配置を比較

して示した模式図である。各エクソンに対応する推定アミノ酸を使用した。太字の垂直バーは、*N. tabacum*遺伝子内、*S. tuberosum*遺伝子内、*H. muticus*遺伝子内、及び*C. annum*遺伝子内のイントロン位置を示す。ボックス内の数字はエクソンによってコードされるアミノ酸残基数を示す。パーセント表示は比較されるドメイン間の相同性スコアを示し、H、C、及びDDXXD（又はDDXX）はヒスチジン、システイン、及びアスパラギン酸に富む（基質結合部位として知られる）保存残基を示す。

【図10】 図10は疫病菌菌体壁成分による処理後、又は水処理後のジャガイモプロトプラスト内のルシフェラーゼ活性を測定した結果である。(A)はPVS3プロモータ領域を用いたトランジェントアッセイに使用したLuc遺伝子の構成を示す。(B)において、35SはCaMV 35Sプロモータ領域を用いた場合のルシフェラーゼ活性を、HWCは推定プロモータ領域を用いHWCで処理した場合のルシフェラーゼ活性を、WaterはHWCの代わりに水で処理した場合のルシフェラーゼ活性をそれぞれ表す。

【図11】 図11はPVS3プロモータのコンストラクトを模式的に示す図である。GUSはレポーター遺伝子である。

【図12】 図12は傷害に応答してPVS3プロモータが誘導するGUSの発現パターンを示す図である。PVS3プロモータを有する形質転換ジャガイモ葉組織を使用した。

【図13】 図13は疫病菌感染に応答した、PVS3プロモータの発現パターンを示す図である。形質転換ジャガイモ葉組織（メイクイン）又は染色対照区として非形質転換ジャガイモ葉組織（リシリ）をレース0に感染させた（メイクインに対して親和性、リシリに対しては非親和性）。感染後6時間、12時間、24時間、及び48時間経過した時点でのGUS活性をGUS染色溶液を用いて検出した。顕微鏡下で観察を行った。

【図14】 図14は形質転換ジャガイモ植物における、PVS3プロモータが誘導するGUSの発現パターンを示す図である。GUS染色溶液を用いて形質転換ジャガイモ植物のGUS活性を検出した。矢印は疫病菌感染領域（GUS染色のコントロール）を示す。

【図 1 5】 図 1 5 はアラキドン酸 (AA) に応答してPVS3プロモータが誘導するGUSの発現パターンを示す図である。AA (5 mM) 又は水を形質転換ジャガイモ葉組織に注入した。注入後6時間、12時間、及び24時間経過した時点でのGUS活性をGUS染色溶液を用いて検出した。

【図 1 6】 図 1 6 は H_2O_2 に応答してPVS3プロモータが誘導するGUSの発現パターンを示す図である。 H_2O_2 (5 mM) を形質転換ジャガイモ葉組織に注入した。注入後6時間、12時間、24時間、及び48時間経過した時点でのGUS活性をGUS染色溶液を用いて検出した。

【図 1 7】 図 1 7 はグルコース/グルコースオキシダーゼに応答してPVS3プロモータが誘導するGUSの発現パターンを示す図である。グルコース (5 mM) 及びグルコースオキシダーゼ (0.5 U/ml) を形質転換ジャガイモ葉組織に注入した。注入後6時間、12時間、24時間、及び48時間経過した時点でのGUS活性をGUS染色溶液を用いて検出した。

【図 1 8】 図 1 8 はサリチル酸 (SA) に応答してPVS3プロモータが誘導するGUSの発現パターンを示す図である。SA (0.5 mM) を形質転換ジャガイモ葉組織に注入した。注入後6時間、12時間、24時間、及び48時間経過した時点でのGUS活性をGUS染色溶液を用いて検出した。

【図 1 9】 図 1 9 はCf-9/Avr9相互作用又はStMEK^{DD}に応答してPVS3プロモータが誘導するGUSの発現パターンを示す図である。35s、Cf-9/Avr9、StMEK^{DD}、あるいは空ベクター (コントロール) を保有するアグロバクテリウムを形質転換ジャガイモ葉組織に接種した。アグロバクテリウム接種後2日経過した時点でのGUS活性をGUS染色溶液を用いて検出した。

【図 2 0】 図 2 0 はエリシター誘導シグナル伝達経路を模式的に示した図である。MAPKKK;mitogen-activated protein kinase kinase kinase, MAPKK;mitogen-activated protein kinase kinase, MAPK;mitogen-activated protein kinase, SIPK;salicylic acid-induced protein kinase, WIPK;wound-induced protein kinase, HMGR;3-hydroxy-3-methylglutaryl CoA reductase, PVS;potato virus Y proteinase

【図 2 1】 図 2 1 はジャガイモ植物のMEK遺伝子 (MEK) のコード領域の配列及

びそれによってコードされる推定アミノ酸配列を示す図である。

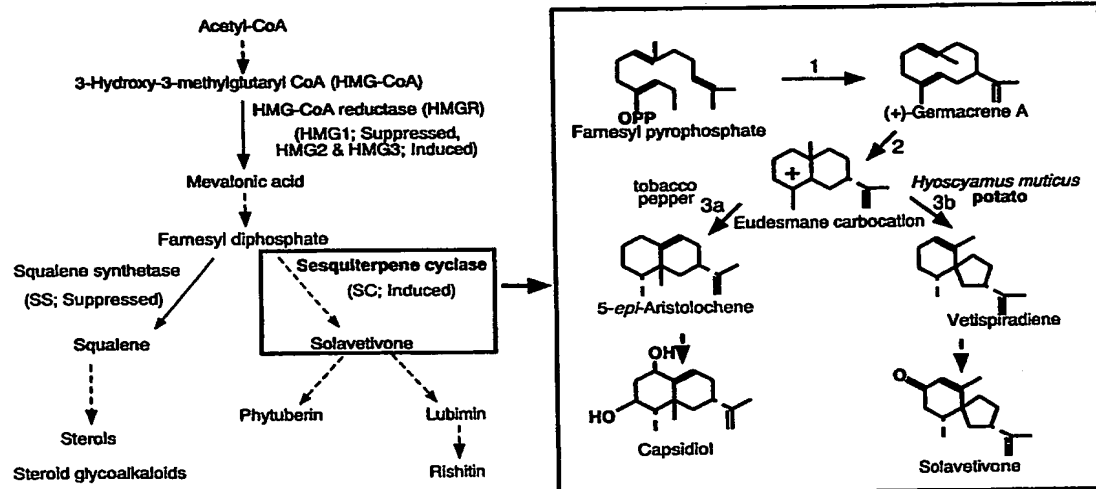
【図 2 2】 図 2 2 は恒常的活性型 MEK 遺伝子 (StMEK^{DD}) のコード領域の配列及びそれによってコードされる推定アミノ酸配列を示す図である。

【図 2 3】 図 2 3 は実施例において使用されるプライマー配列の位置を示す図である。尚、各プライマー位置を示す矢印とともに記載される番号は配列番号を表す（例えば P9 であれば配列番号 9 の配列を有するプライマー）。実施例 2 においては P9、P10、P11、P14、P15、P16、P17、及び P18 を用いた。他方、実施例 4 においては P11、P12、P13、P14、P15、P16、P19、及び P20 を用いた。

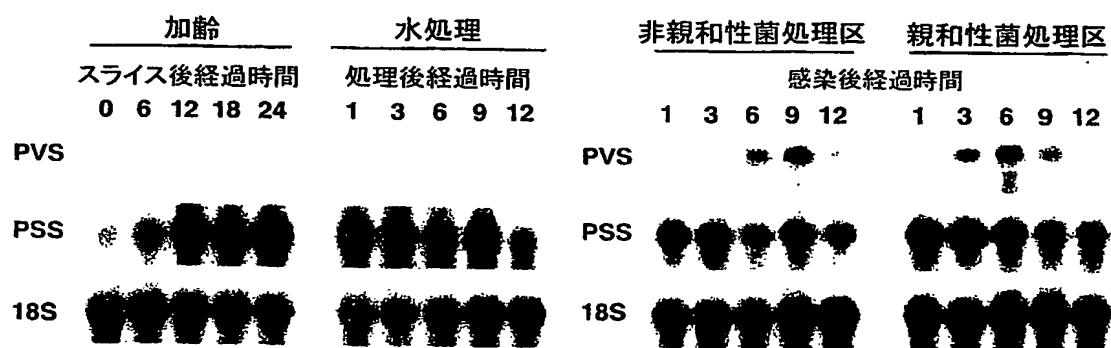
【書類名】

図面

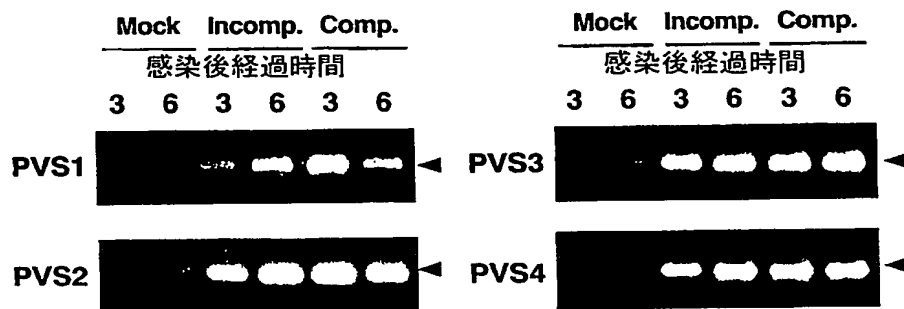
【図1】



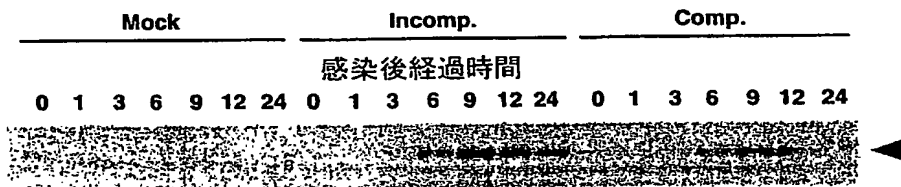
【図 2】



【図 3】



【図 4】



【図 5】

PVS1

時間 (hr)	Mock	傷害処理	Incomp.	Comp.	Tl
	0 1 3 6 9 12	1 3 6 9 12	1 3 6 9 12	1 3 6 9 12	6

PVS2

時間 (hr)	Mock	傷害処理	Incomp.	Comp.	Tl
	0 1 3 6 9 12	1 3 6 9 12	1 3 6 9 12	1 3 6 9 12	6

PVS3

時間 (hr)	Mock	傷害処理	Incomp.	Comp.	Tl
	0 1 3 6 9 12	1 3 6 9 12	1 3 6 9 12	1 3 6 9 12	6

PVS4

時間 (hr)	Mock	傷害処理	Incomp.	Comp.	Tl
	0 1 3 6 9 12	1 3 6 9 12	1 3 6 9 12	1 3 6 9 12	6

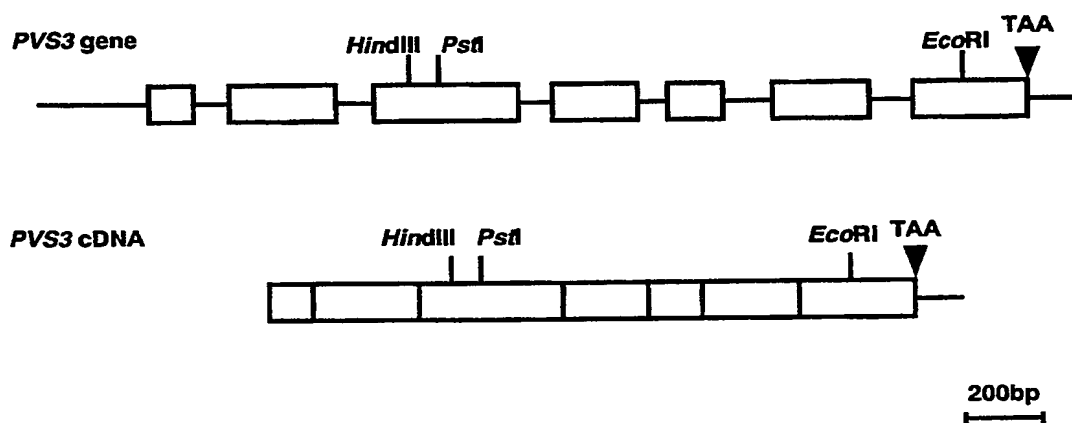
【図 6】

-2648	ctcttctgttgatggtctatagctcttttatatagcgctctattcatgttgtaatttggcc	-2589
-2588	tctacttttaatttttttcaacctaaaccaacgtacaataatgtgtaagtataactaatttg	-2529
-2528	actocacataatagcatggtgctagagagctcacttgaagagtatactgaagagtattaa	-2469
-2468	aaatataattctaaagaatttcgaagattcaattataattgatcaagaaggtgataagag	-2409
-2408	ccttcnacaacaacgtaaagtttgggtagcctctatanatgactatgaaaaatagccaaa	-2349
-2348	aaaaattcaaatcgaaattcttgaatccttatttaggattattgcgacctcacttgtg	-2289
-2288	ggtgccttacttgactaaatatttgattaaacatttaatttttggtcagtggtatatacatg	-2229
-2228	ccactcaatttttaataaattagtgatcccttacgactcttaaaaaaattgtatttttgtg	-2169
-2168	tgtaatgtcaactttggttcaaatgtctaatataataagtttaattccaacagtattag	-2109
-2108	aatttttatttttaagatcactccttaccggtcttaccactgaaagattaaaattctaaccaa	-2049
-2048	gaatttgaacttttaaatagtagtacttgaattttacttgcggtttgaattttatgtacatg	-1989
-1988	cttagaataaattaggtcctcatgtagtcaactttaaagaaaattacaatgttacgttctaa	-1929
-1928	caagaacaaatttgactcttagatttttaatttttttttttaaaaaaaactaaatactc	-1869
-1868	atccgattcaatttgtttgaaactatgttccaatttatttaattccggttcaaaaaaatgtt	-1809
-1808	acattcagatattttaaatacaattaacttaaatttctcatcatcagtaagaagttttaat	-1749
-1748	aattcacatgaaggaagcctgtttgggagaagttatgcgtaaaaatttgcatatatctct	-1689
-1688	tccattgaattagttagatctggtattgcataaaaatcaacatttagtaaaatagatggc	-1629
-1628	ttagatgattgaactttgaacaggaaaaaataagcgtgcaaatagccatcaatcttgaac	-1569
-1568	tttagaaatataatataaattcaataagttacttttatttggaaatgctatagtgacggc	-1509
-1508	ggatttagaattttcattaaagggactctaaaaaaatatagtgccttaagatttgaacttg	-1449
-1448	aaactcaagatgccactaaacaaccttaactcttacattcagaaggttcaaaatcaatat	-1389
-1388	atatagacataaatttttaaaatttttttaacctccctcgactaccttaggtccgacct	-1329
-1328	tactattcccatccgactctcttgggaagcggggagaaaaatttataatagtgcactcat	-1269
-1268	gctataattacataaagattttatgtaatgctatatttttcaagttgaagacggaaa	-1209
-1208	caatagcattggatcaagacagacgccattgaaggaagaaaaaacctaaaaaaataaaca	-1149
-1148	aaaggagagacactttcttggctcccttcgagggccatataatccattaatataaaatata	-1089
-1088	aaacaaaaaaagacagacgggtcgcccaaggaaagagggacgtcactaacggctaa	-1029
-1028	ccctaaactacaanaatgttaattttccaaaaacggaaactataaggaataaaaaaacatgaa	-969
-968	gattattgagtattatttaatttttaaaagacagacggccactcgaggaataaaggaatcac	-909
-908	aaggagtaaggaagaaatataagggcaggttacagtatcatataataaatttaagttt	-849
-848	ggttgcatggaagttatagtttttaaaaaaaataaaattgtccaacaatacttgtcc	-789
-788	aatttagaaaaatcaaaagataaattatttttgtgttggttttacctcaacatctaat	-729
-728	acatttctcaaatatttaaatatttaattcaaaaggtaataatagtaataattactctta	-669
-668	ttatttatttttcttcttaagattttgtgcaggtcaataataaataactatcggtgaat	-609
-608	taagggagtacccataaagaaattgattataacacagatcggggtggaggagctagaaa	-549
-548	gttagtacaaaatttgggtgcactaagtagtctcctcctcctcaatttatgagattttgtt	-489
-488	gattcgagacgaaatttataaagatgatttttttaagttgtaattcaaaacagtcatt	-429
-428	aaatatttgcactactataataatctcatttaaatgtaaatgaatatttttagctaaatta	-369
-368	ttactactccctccatgtccatatttagttgatcatcttactatataaactgtccacct	-309
-308	tactcaattaataaataatttaataaagttttttctatactagatataaaatgttattat	-249
-248	tatttttgataaagactagaagagtataactatttgcatactacagtgaggacgaccagt	-189
-188	taagtataattgtgcaaaagtaaggaacccggatggactgcagcagcaaaagggcttc	-129
-128	accatataaataactcaaatcttctcttcttcttcttcttcttcttcttcttcttcttct	-69
-68	caaattaaagaaagaaaaaaatctctcagtttccctcacaagctaatttagaccggtt	-9
-8	ccgaagaaatggcccttagcttatccctttaaacaatgaagaggagattgttgcgcccgttg	52
1	M A L A I P F N N E E E I V R P V	17
53	CCAATTTCTCTCCAAGTCTTTGGGGTGATCGTTTCCATTCTCTCTCGACAATCAGg	112
18	A N F S P S L W G D R F H S F S L D N Q	37
113	taattacttaattaactaataaataccttctctatcgcttatatttggtaattact	172
173	actaatcccaatcatgaacattttacagGTTGCTGAAAAGTATGCTCAAGAGATTGAAAC	232
38	V A E K Y A Q E I E T	48
233	TTTGAAGGAACAAACRAAGGAGTTTGTGTCTGCTGCTGCTTGTGGAATAACATTGGCTGA	292
49	L K E Q T R S L L S A A A C G I T L A E	68
293	GAAATGAACTCTGATAGACATTTGTTGAGCGCCTTGGCTTAGCTTATCATTTTGAGAAACA	352
69	K L N L I D I V E R L G L A Y H F E K Q	88
353	AATAGATGATATGTTGGATCAAAATTTACAAAGCAGATCCCACTTTGACGCTCATGATT	412
89	I D M L D Q I Y K A D P N F D A H D L	108
413	AAACACTTTATCCCTTCAATTTGGAATATTAAGCAACATGGTTACAATATCTCCCAAAG	472
109	N T L S L Q F R I L R Q H G Y N I S Q	127
473	taggtccatcatttttaaaacaattcaccaaaataatcagtttttttctgcatgaaaactaa	532
533	ttatcttttgccttttattcgatcatgatccagAATTTTCAGCAGATTCCAAGATGCGAA	592
128	K F F S R F Q D A N	137
593	TGCCAAGTTCAAGGAATGTCTTAGCAACGACATCAGGGGTCTATTGAACTTATACGAAGC	652
138	G K F K E C L S N D I R G L L N L Y E A	157
653	TTCACATGTAAGGACTCATGGAGAAGATATTTTGAAGAGGCACTTGTTCCTCCACTGC	712
158	S H V R T H G E D I L E E A L V F S T A	177
713	TCATCTTGAGTCTGCAGCTCCACATTTGGAGTCACCTCTGAGTAAGCAAGTGACTCATGC	772
178	H L E S A A P H L E S P L S K Q V T H A	197

【図7】

773	CCTTGAGCAGTCTCTCCATAAGAGCATTCCAAGAGTCGAGACGGGCTACTTCATCTCCAT	832
198	L E Q S L E K S I P R V E T R Y F I S I	217
833	CTACGAAGAGGAGGAATTTAAGAATGATGTGTGCTTCGATTGCCAAATGGATTACAA	892
218	Y E E E E F K N D V L L R F A K L D Y N	237
893	CTTACTCCAGATGTTGCACAAACAGAACTTAGTGAAGTATCAAGgtatacagatgtgtt	952
238	L L Q M L E K H E L S E V S R	252
953	aagttgaattaaaaatactagtataaatttttgttagtagtaatttctaagattggtac	1012
1013	ttattttttagGTGGTGGAAAGATTGGATTGTTGTGACACGCTTCCATATGCTAGGGAT	1072
253	W W K D L D F V T T L P Y A R D	268
1073	AGAGCAGTGGAAATGTACTTTTGGACGATGGGAGTGTATGCTGAACCTCAATACTCTCAG	1132
269	R A V E C Y F W T M G V Y A E P Q Y S Q	288
1133	GCTCGTGTCTCCTTCGCAAGACTATAGCAATGATTCGATAGTAGATGACACATTCGAT	1192
289	A R V I L A K T I A M I S I V D D T F D	308
1193	GCTTATGGAATAGTAAAGAACTTGAGGTCTACACCGATGCCATACAAAGgtatggactt	1252
309	A Y G I V K E L E V Y T D A I Q R	325
1253	gcctctccaacagttcatggtattattagacgggaaacttactaaatctctttctgtttt	1312
1313	attagGTGGGATATTAGTCAAATTCGACTCCAGAAATACATGAAAGTTAGTTTAAAG	1372
326	W D I S Q I D R L P E Y M K V S F K	343
1373	GCTCTTTTGGATCTCTATGAAGATTATGAAAAGGAGTTGTCAAAGGATGGCAGATCCGAT	1432
344	A L L D L Y E D Y E K E L S K D G R S D	363
1433	GTTGTCCACTACGCAAAAGAAAGagtaggactcactgatttctatttaaaacacttgta	1492
364	V V H Y A K E R	371
1493	ttaccttatactatttctttattatacaattagatctgttattggagattatgattggttg	1552
1553	aatgtcttgtggtttctgttaaacagATGAAGGAGATTGTGAGAACTATTTGTAGAAG	1612
372	M K E I V R N Y F V E	382
1613	CAAAGTGGTTCATTGAGGGATATATGCCGCTGTTCTGAGTATCTTAGCAATGCATTAG	1672
383	A K W F I E G Y M P P V S E Y L S N A L	402
1673	CTACCAGCACATATTACTTGCTAACTACAACATCCTATTTGGGAGTGAAGTCAGCAACAA	1732
403	A T S T Y Y L L T T T S Y L G V K S A T	422
1733	AGGAAGATTTTGAATGGTGGCTACGAACCTTAAATCTTGAAGCCAATGTGACATTAT	1792
423	K E D F E W L A T N P K I L E A N V T L	442
1793	GCCGAGTGTGTTGATGACATAGCAACGTATGAGgttaattagcatcgcttacactacataa	1852
443	C R V V D D I A T Y E	453
1853	atcatcttataatttagagttacagtaatttaatacaaatgatttcacatacttataaa	1912
1913	tgaattataaattgccattccagGTTGAGAAGGGTAGGGCCAAATCGCAACAGGAATTGA	1972
454	V E K G R G Q I A T G I E	466
1973	GTGTTATATGAGGGATTATGACGTATCAACAGAAGTAGCAATGGAAAAATTCCAAGAGAT	2032
467	C Y M R D Y D V S T E V A M E K F Q E M	486
2033	GGCTGAGATAGCATGGAAGGATGTAAATGAAGGAATCTTCGACCAACACCTGTCTCTAC	2092
487	A E I A W K D V N E G I L R P T P V S T	506
2093	AGAAATCTTACTCGCATCTCAATCTTGCTCGTATTATAGATGCTACTTACAAGCACA	2152
507	E I L T R I L N L A R I I D V T Y K H N	526
2153	TCAAGATGGATACACTCATCCGAAAAAGTTCTAAAACCTCACATCATGTCTTACTGGT	2212
527	Q D G Y T H P E K V L K P H I I A L L V	546
2213	GGACTCCATTGAGATCtaaaaatttagtaaattttaatttttaaaatgttacgtaaaaaa	2272
547	D S I E I *	551
2273	taataaacctgtaaaaaataatgaagattaaggcgaacgaaccacgtgaggcggaacgttg	2332
2333	agaatggatgatggaaaatagatgaatatattgttatgoatgaagggtgtttcacactot	2392
2393	tttgatttttgggaatgcatggacatccgcatgttgtcgactacacctcgaccaatgttgc	2452
2453	gcaagccacgcccagatgcgggcaggccacggatgacggttgtgtgcagtcocaaagggcgat	2512
2513	ggggccaggccacggcgatgtcgactgacogtgtgtgtgcagtcocaaagggcgatgcgggc	2572
2573	aggccacgtccgacgt	2588

【図8】

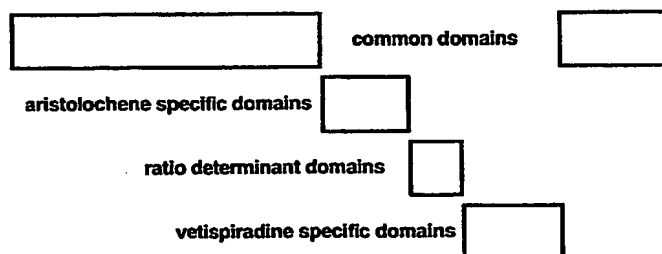


【図9】

シクラーゼ

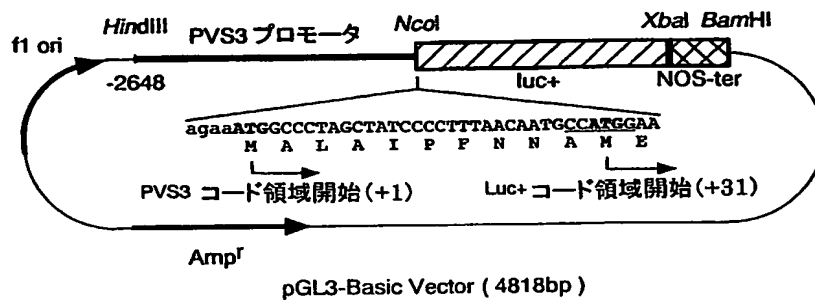
推定アミノ酸配列

	NH ₃ ⁺	H	H	H	DDXXD	C	COO ⁻
TEAS (<i>N. tabacum</i>)	37	88	126	73	46	82	98
	67.5%	60.6%	77.0%	89.0%	73.9%	82.8%	
		H	H	H	DDXXD	C	
PVS1 (<i>S. tuberosum</i>)	40	92	125	73	46	180	
	72.5%	95.7%	96.0%	100%	100%	98.9%	
		H	H	H	DDXXD	C	
PVS4 (<i>S. tuberosum</i>)	33	92	125	73	46	180	
	71.8%	75.0%	87.2%	98.6%	93.5%	91.1%	
		H	H	H	DDXXD	C	
HVS (<i>H. muticus</i>)	39	92	125	73	46	82	98
	76.9%	77.4%	91.2%	98.6%	93.5%	91.5%	93.9%
		H	H	H	DDXXD	C	
PVS3 (<i>S. tuberosum</i>)	37	90	125	73	46	82	98
	59.5%	58.5%	71.4%	78.1%	74.5%	79.3%	80.6%
		H	H	H	DDXX	C	
PEAS (<i>C. annuum</i>)	42	92	126	72	47	82	98

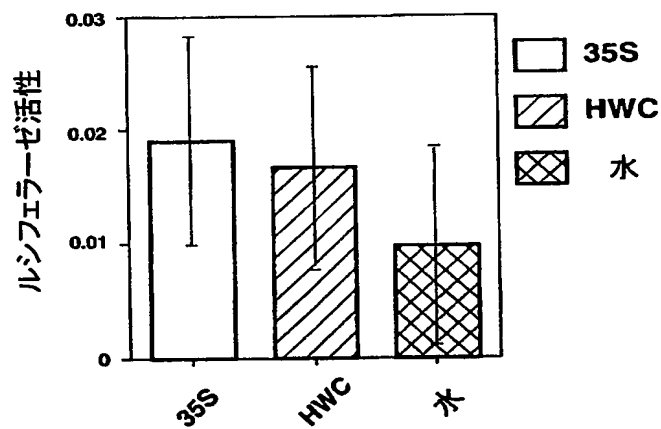


【図10】

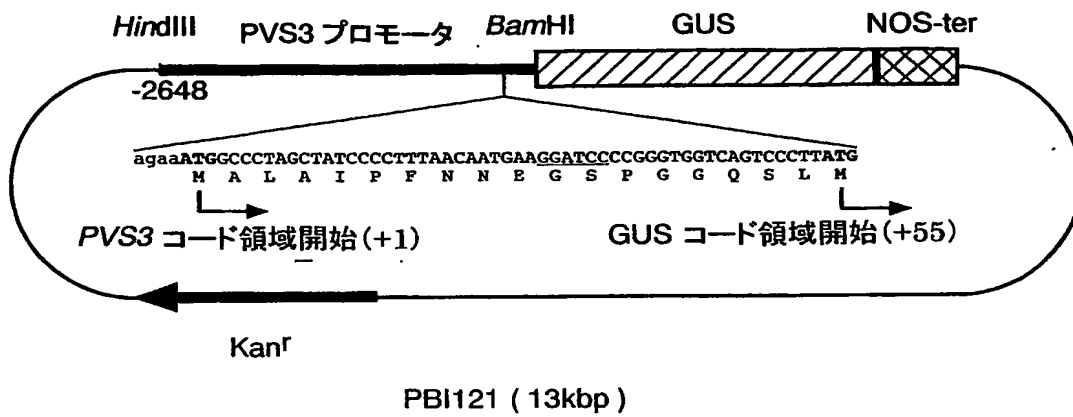
(A)



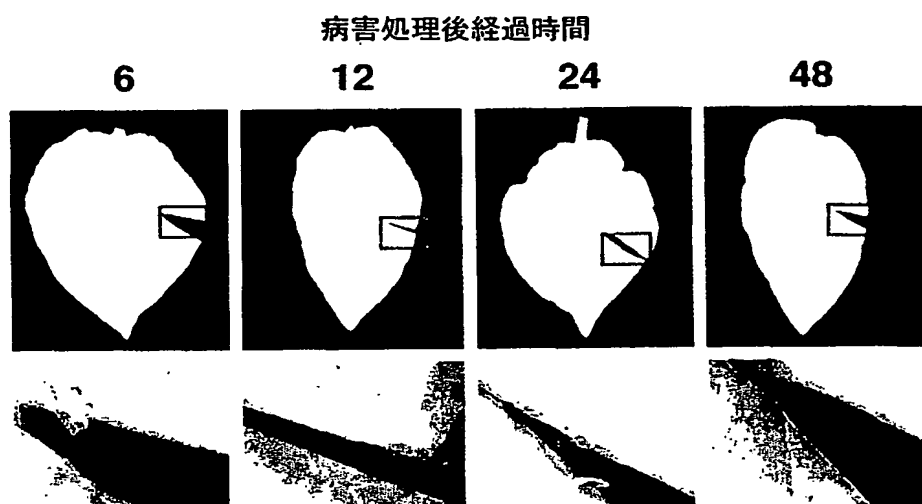
(B)



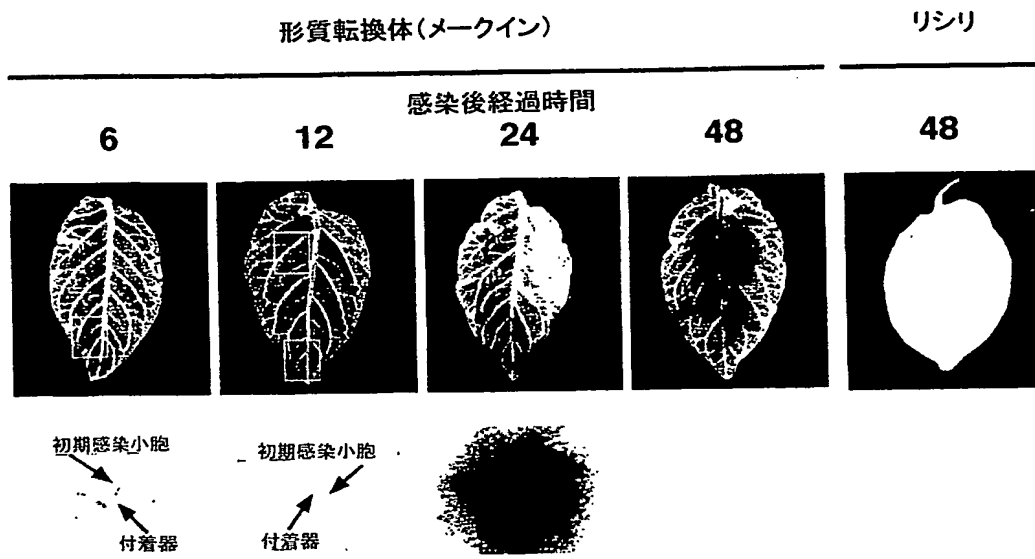
【図 11】



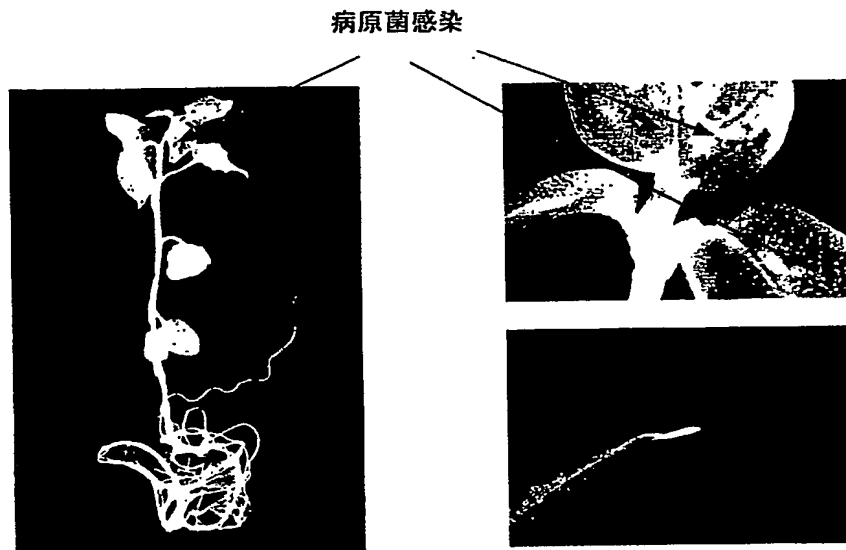
【図 12】



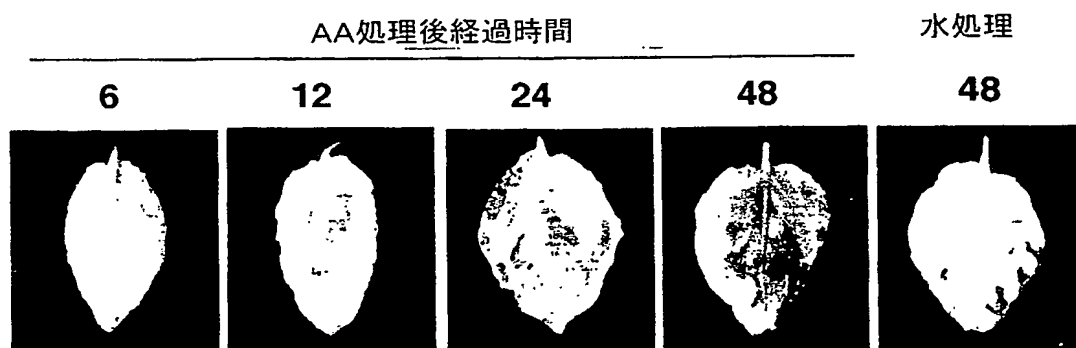
【図13】



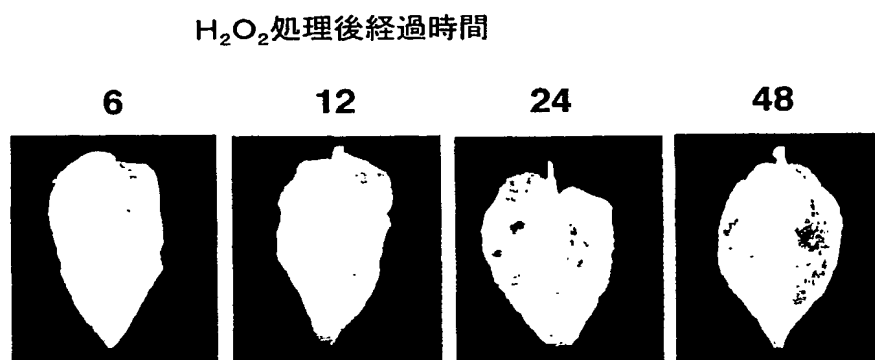
【図 14】



【図 15】

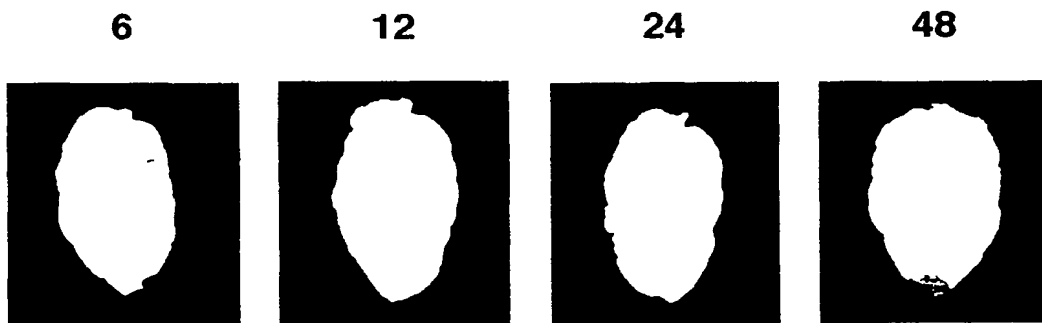


【図16】

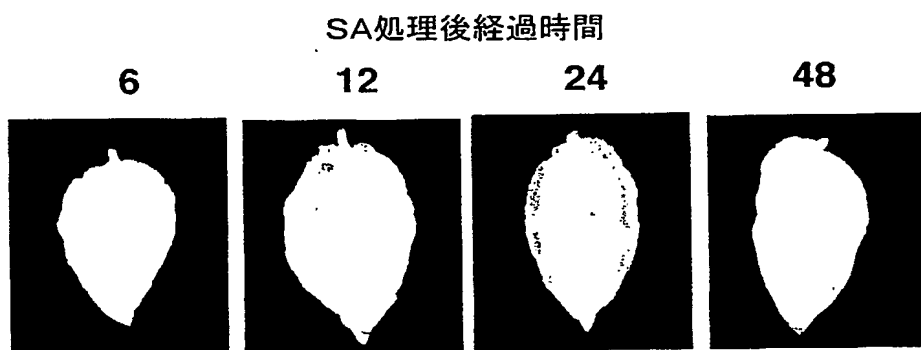


【図 17】

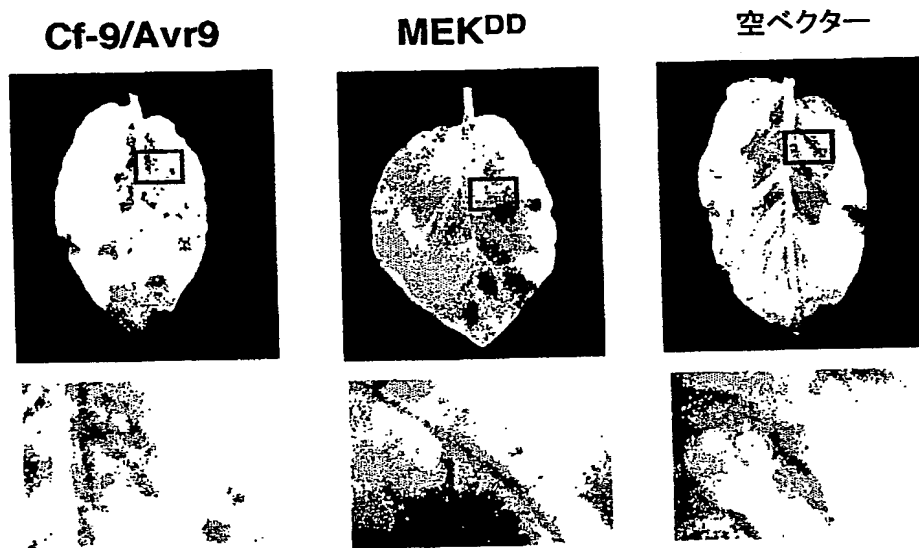
グルコース及びグルコースオキシターゼ処理後経過時間



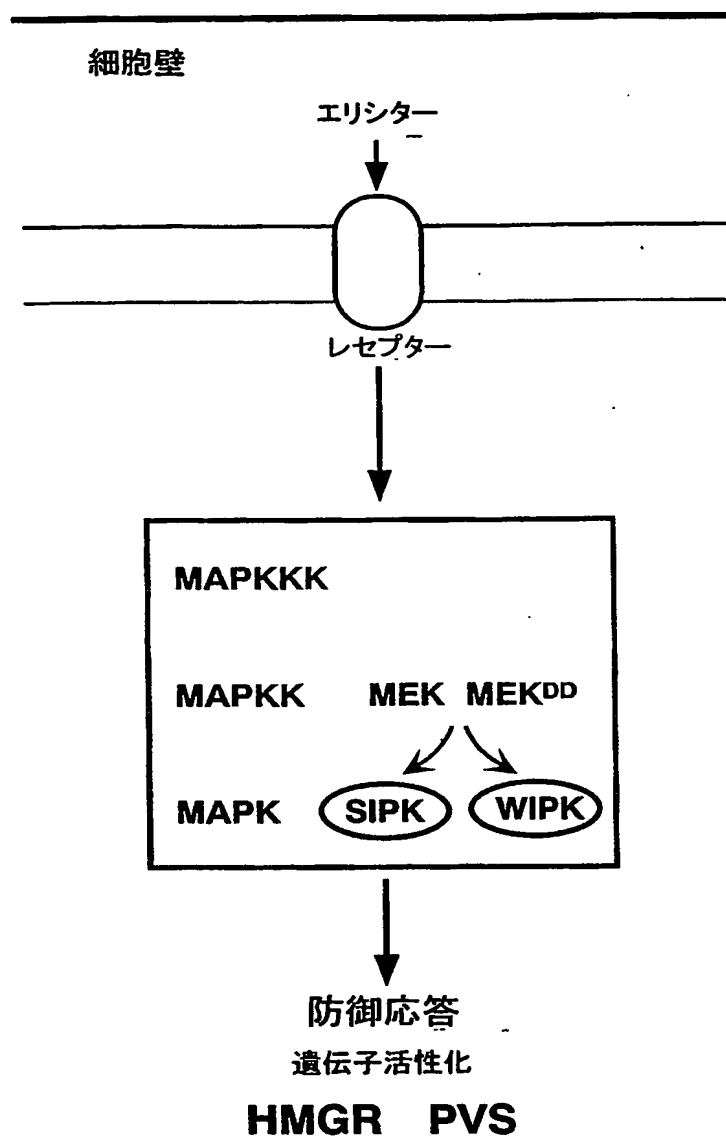
【図18】



【図19】



【図 20】



【図 21】

ATGCGACCTCTTCAACCACCCACCAGCTGCCAACTCCACCTCCTCCGCCGCCGCATCATC
CATGCCTCCTCCCTCTTCCGCCGACAACGCAGTCGTCCCCGGCGTCGTA CTGATTTGACCC
TTCTCTTCTCAACGTGACGTTGCTCTTGCTGTTCTCTCCCCCTTCTCCAACCTCCGCTC
CTTCTCTTCTCATCCTCATCTTCTCCCCGCTTCTACCCCTTTACATTTCTCTGAGCTCG
AGAGGGTTAATCGCATCGGTAGTGGCACCCGAGGTACTGTTTACAAGGTTCTACATCGTCCC
ACTGGCAGACTCTATGCTTTGAAAGTTATCTATGGTAACCATGAGGATTCTGTCCGTCTCCAG
ATGTGCCGTGAGATCGAGATTCTCCGAGATGTAGACAACCTAACGTCTGTTAGGTGTACGA
TATGTTTCGATCACAACGGCGAAATCCAAGTTCTTCTTGAGTTCATGGATAAAGGCTCTCTCG
AAGGGATCCATATCCCTCTCGAACAACCTCTCTCCGATCTAACTCGACAGGTTCTCTCCGGC
CTCTACTACCTCCACAGGCGTAAGATTGTTACAGAGATATCAAACCTTCTAACCTCTTAATC
AACTCCAGGCGTGAGGTCAAGATTGCAGATTTTGGGGTCTCCAGAGTTCTCGCACAAACTAT
GGATCCTTGCAATTCTCCGTGGGTACCATCGCTTACATGAGTCCCGAGAGAATCAACACAG
ATCTGAATCACGGACAGTACGACGGATATGCTGGGGACATATGGAGTCTTGGGGTGAGCATC
TTAGAGTTCTACTTGGGAAGGTTCCCTTCTCTGTGGGGAGACAAGGAGACTGGGCCAGCC
TTATGTGCGCCATTTGTATGTCGCAGCCTCCTGAGGCACCACTGCTTCCAGGGAGTTT
AGGGAGTTTCAATTGCCTGCTGTTTGCAGAGGGATCCTGCTAGGCGGTGGACGGCCGCGCAGC
TCTTGCGCCATCCCTTCATCACCCAGAATAGCCAGGCACCCACACCGGTCTGCTACTACC
TCATTGAGTAATCAGGCACATCAATTGTTACCTCCACCTCCTCATTTTCTTCTTCTTCTT
CTTGA

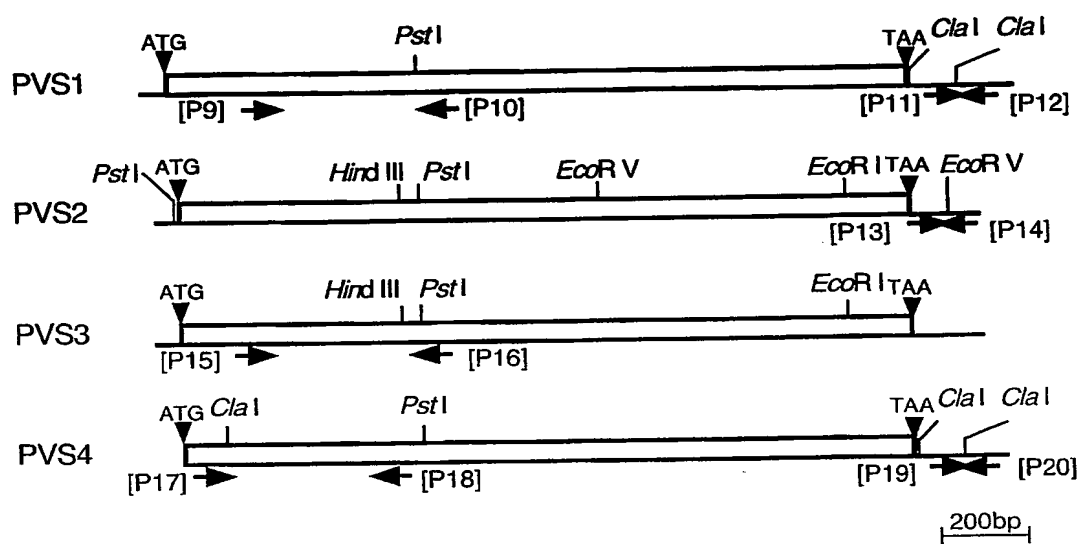
MRPLQPPPPAANSTSSAAASSMPPSSAGQSRPRRRD LTLPLPQRDVALAVPLPLPPTSAPS
SSSSSSSPLPTPLHFSELERVNRIGSGTGTVYKVLHRPTGRLYALKVIYGNHEDSVRLQMCR
EIEILRDVDNPNVVRCHDMFDHNGEIQVLEFMDKGSLEGIHIPLEQPLSDLTRQVLSGLYYL
HRRKIVHRDIKPSNLLINSRREVKIADFGVSRVLAQTMDPCNSSVGTIAYMSPERINTDLNHG
QYDGYAGDIWSLGVSI LE FYLG RFPFSVGRQGDWASLMCAICMSQPPEAPPTASREFREFIAC
CLQRDPARRWTA AQLLRHPFITQNSPGTHTGPATTSLSNQAHQLLPPPPHFSSSSSS

【図 22】

ATGCGACCTCTTCAACCACCCCAACAGCTGCCAACTCCACCTCCTCCGCCGCCGCATCATC
CATGCCTCCTCCTCTTCCGCCGGACAACGCAGTCGTCGCCCGCGTCGTAAGTTGACCC
TTCTCTTCCCTCAACGTGACGTTGCTCTTGCTGTTTCTCTCCCCCTTCCCTCCAACCTCCGCTC
CTTCTCTTCCCTCATCCTCATCTTCTCCCGCTTCTACCCCTTTACATTTCTCTGAGCTCG
AGAGGGTTAATCGCATCGGTAGTGGCACCGGAGGTACTGTTTACAAGGTTCTACATCGTCCC
ACTGGCAGACTCTATGCTTTGAAAGTTATCTATGGTAACCATGAGGATTCTGTCCGTCTCCAG
ATGTGCCGTGAGATCGAGATTCTCCGAGATGTAGACAACCCTAACGTCGTTAGGTGTCACGA
TATGTTGATCACAACGGCGAAATCCAAGTTCTTCTTGAGTTTATGGATAAAGGCTCTCTCG
AAGGGATCCATATCCCTCTCGAACAACTCTCTCCGATCTAACTCGACAGGTTCTCTCCGGC
CTCTACTACCTCCACAGGCGTAAGATTGTTTACAGAGATATCAAACCTTCTAACCTCTTAATC
AACTCCAGGCGTGAGGTCAAGATTGCAGATTTTGGGGTCTCCAGAGTTCTCGCACAAAGATAT
GGATCCTTGCAATGACTCCGTGGGTACCATCGCTTACATGAGTCCCGAGAGAATCAACACAG
ATCTGAATCACGGACAGTACGACGGATATGCTGGGGACATATGGAGTCTTGGGGTGAGCATC
TTAGAGTTCTACTTGGGAAGGTTCCCTTCTCTGTGGGGAGACAAGGAGACTGGGCCAGCC
TTATGTGCGCCATTTGTATGTGCGAGCCTCCTGAGGCACCACTGCTTCCAGGGAGTTT
AGGGAGTTTATTGCTGCTGTTTGCAGAGGGATCCTGCTAGGCGGTGGACGGCCGCGCAGC
TCTTGCGCCATCCCTTCATCACCCAGAATAGCCCAGGCACCCACACCGGTCTGCTACTACC
TCATTGAGTAATCAGGCACATCAATTGTTAACCCTCCTCATTTTTCTTCTTCTTCTT
CTTGA

MRPLQPPPPAANSTSSAAASSMPPSSAGQSRPRRRDITLPLPQRDVALAVPLPLPPTSAPS
SSSSSSSPLPTPLHFSELERVNRIGSGTGGTVYKVLHRPTGRILYALKVIYGNHEDSVRLQMCR
EIEILRDVDNPNVVRCHDMFDHNGEIQVLLFMDKGSLEGIHIPLEQPLSDLTRQVLSGLYYL
HRRKIVHRDIKPSNLLINSRREVKIADFGVSRVLAQDMDPCNDVGTIAYMSPERINTDLNHG
QYDGYAGDIWSLGVSIIFYLGRFPFSVGRQGDWASLMCAICMSQPPEAPPTASREFREFIAC
CLQRDPARRWTAQQLLRHPFTTQNSPGTHTGPATTSLSNQAHLPPPPHFSSSSSS

【図 23】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 病原菌の感染に対して特異的に応答するプロモータ（病原菌応答性プロモータ）を提供する。

【解決手段】 ジャガイモ植物のPVS3プロモータ領域（配列番号1）からなるDNAを含む病原菌応答性プロモータ。

【選択図】 図6

認定・付加情報

特許出願の番号	特願 2002-351701
受付番号	50201831944
書類名	特許願
担当官	第五担当上席 0094
作成日	平成14年12月 4日

<認定情報・付加情報>

【提出日】 平成14年12月 3日

次頁無

特願 2002-351701

出願人履歴情報

識別番号

[598091860]

1. 変更年月日

1998年 7月 9日

[変更理由]

新規登録

住 所

愛知県名古屋市中区栄二丁目10番19号

氏 名

財団法人名古屋産業科学研究所

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ BLACK BORDERS
- ☐ IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- ☒ FADED TEXT OR DRAWING
- ☐ BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING
- ☐ SKEWED/SLANTED IMAGES
- ☐ COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS
- ☐ GRAY SCALE DOCUMENTS
- ☐ LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT
- ☒ REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY
- ☐ OTHER: _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.